(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2024년07월19일
(11) 등록번호 10-2687212
(24) 등록일자 2024년07월17일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 16/10 (2006.01) *C07K 16/46* (2006.01)
(52) CPC특허분류
C07K 16/1063 (2013.01)
C07K 16/468 (2013.01)
(21) 출원번호 10-2018-7014534
(22) 출원일자(국제) 2016년10월24일
심사청구일자 2021년10월22일
(85) 번역문제출일자 2018년05월23일
(65) 공개번호 10-2018-0063336
(43) 공개일자 2018년06월11일
(86) 국제출원번호 PCT/US2016/058540
(87) 국제공개번호 WO 2017/074878
국제공개일자 2017년05월04일
(30) 우선권주장
62/246,113 2015년10월25일 미국(US)
(뒷면에 계속)
(56) 선행기술조사문헌
WO2014116846 A2*
US20140213772 A1*
WO2012135345 A1
WO2013163427 A1*
*는 심사관에 의하여 인용된 문헌

(73) 특허권자
사노피
프랑스 75017 파리 아브뉘 드 라 그랑 아르메 46
더 유나이티드 스테이츠 오브 어메리카, 애즈 리프리젠티드 바이 더 세크러테리, 디파트먼트 오브 헬쓰 앤드 휴먼 서비씨즈
미국, 메릴랜드 20892, 베서스다, 엠에스 7788, 스위트 700, 6701 록리지 드라이브, 내셔널 인스티튜즈 오브 헬스, 오피스 오브 테크놀로지 트랜스퍼
(72) 발명자
양, 즈-융
미국 08807 뉴저지주 브릿지워터 메일 코드: 55에이-505에이 코포레이트 드라이브 55 사노피 내
네이블, 개리, 제이.
미국 08807 뉴저지주 브릿지워터 메일 코드: 55에이-505에이 코포레이트 드라이브 55 사노피 내
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
양영준, 이상영

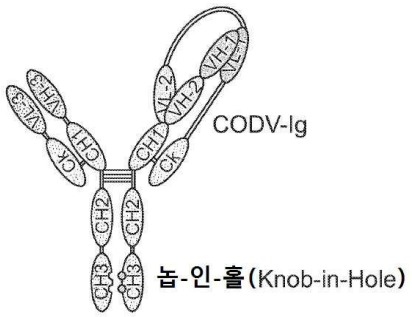
전체 청구항 수 : 총 34 항 심사관 : 이미경

(54) 발명의 명칭 **HIV 감염의 예방 또는 치료를 위한 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질**

(57) 요 약

하나 이상의 HIV 표적 단백질 또는 하나 이상의 T-세포 수용체에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질을 포함하는 조성물이 본원에서 제공되며, 여기서, 결합 단백질을 형성하는 제1 폴리펩티드 쌍은 교차 배향(cross-over orientation)을 갖는 이중 가변 도메인을 보유하고, 결합 단백질을 형성하는 제2 폴리펩티드 쌍은 단일 가변 도메인을 보유한다. 또한 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질의 제조 방법 및 HIV/에이즈(AIDS)의 치료 및/또는 예방에 있어서의 그러한 결합 단백질의 용도가 본원에서 제공된다.

대 표 도



(52) CPC특허분류
C07K 2317/31 (2013.01)
C07K 2317/76 (2013.01)
C07K 2317/92 (2013.01)
C07K 2317/94 (2013.01)

(72) 발명자
쉬, 링
미국 08807 뉴저지주 브릿지워터 메일 코드: 55에이-505에이 코포레이트 드라이브 55 사노피 내
웨이, 로니
미국 08807 뉴저지주 브릿지워터 메일 코드: 55에이-505에이 코포레이트 드라이브 55 사노피 내
추, 화웨이
미국 08807 뉴저지주 브릿지워터 메일 코드: 55에이-505에이 코포레이트 드라이브 55 사노피 내
베닝가, 요헨
독일 65926 프랑크푸르트 암 마인 사노피-아벤티스 도이칠란트 게엠베하 내
크루이프, 요헨
독일 65926 프랑크푸르트 암 마인 사노피-아벤티스 도이칠란트 게엠베하 내
라오, 에르콜레
독일 65926 프랑크푸르트 암 마인 사노피-아벤티스 도이칠란트 게엠베하 내
로이슈너, 불프, 디르크
독일 65926 프랑크푸르트 암 마인 사노피-아벤티스 도이칠란트 게엠베하 내
바일, 크리스티안
독일 65926 프랑크푸르트 암 마인 사노피-아벤티스 도이칠란트 게엠베하 내
랑게, 크리스티안
독일 65926 프랑크푸르트 암 마인 사노피-아벤티스 도이칠란트 게엠베하 내
코너스, 마크
미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내
마스콜라, 존, 알.
미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내
쿱, 리차드, 에이.
미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내
황, 징허
미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내
도리아-로즈, 니콜, 에이.
미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내
저우, 퉁칭
미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내

(30) 우선권주장
16305211.1 2016년02월24일 유럽특허청(EPO)(EP)
62/322,029 2016년04월13일 미국(US)
62/331,169 2016년05월03일 미국(US)

쾅, 피터, 디.

미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내

권, 영, 도

미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내

페구, 아마렌드라

미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내

아소칸, 망가이아르카라시

미국 20852 매릴랜드주 록빌 이그제큐티브 블러바드 6011 스위트 325 내셔널 인스티튜츠 오브 헬쓰 내

명 세 서

청구범위

청구항 1

하나 이상의 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서,

제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I로 표시되는 구조를 포함하며:

[화학식 I]

V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L

제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II로 표시되는 구조를 포함하며:

[화학식 II]

V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}

제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III으로 표시되는 구조를 포함하며:

[화학식 III]

V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}

제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV로 표시되는 구조를 포함하며:

[화학식 IV]

V_{L3}-C_L

상기 식에서,

V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하고;

(a) V_{L1}은 서열 번호 500의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 501의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 274의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 275의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 277의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 266의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 267의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 268의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 254의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 255의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 256의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 257의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 248의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 497의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 250의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하는 것이거나;

(b) V_{L1}은 서열 번호 500의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 501의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 274의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 275의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 277의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 254의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 255의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 256의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 257의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하는 것이거나; 또는

(c) V_{L1}은 서열 번호 278의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 279의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 280의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 275의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 277의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 266의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 267의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 268의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 499의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 261의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 262의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 257의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 248의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 497의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 250의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하는 것인

결합 단백질.

청구항 2

제1항에 있어서,

V_{L1}은 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 512의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 502의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는 것인

결합 단백질.

청구항 3

제1항에 있어서,

제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 4의 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 3의 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 1의 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 2의 아미노산 서열을 포함하는 것인

결합 단백질.

청구항 4

제1항에 있어서,

V_{L1}은 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는 것인

결합 단백질.

청구항 5

제1항에 있어서,

제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 12의 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 11의 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 9의 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 10의 아미노산 서열을 포함하는 것인

결합 단백질.

청구항 6

제1항에 있어서,

제1 폴리펩티드 사슬은 서열 서열 번호 52의 아미노산 서열과 90% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 51의 아미노산 서열과 90% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 49의 아미노산 서열과 90% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 50의 아미노산 서열과 90% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는 것인

결합 단백질.

청구항 7

하나 이상의 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서,

제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I로 표시되는 구조를 포함하며:

[화학식 I]

V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L

제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II로 표시되는 구조를 포함하며:

[화학식 II]

V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}

제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III으로 표시되는 구조를 포함하며:

[화학식 III]

V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}

제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV로 표시되는 구조를 포함하며:

[화학식 IV]

V_{L3}-C_L

상기 식에서,

V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

V_{L1}은 서열 번호 275의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 277의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 500의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 501의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 274의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열로 이루어지는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열로 이루어지는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열로 이루어지는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 257의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 254의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 255의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 256의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열로 이루어지는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열로 이루어지는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열로 이루어지는 CDR-H3을 포함하는 것인

결합 단백질.

청구항 8

제7항에 있어서,

V_{L1}은 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는 것인

결합 단백질

청구항 9

제7항에 있어서,

제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 20의 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 19의 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 17의 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬

은 서열 번호 18의 아미노산 서열을 포함하는 것인

결합 단백질.

청구항 10

제1항에 있어서,

(a) 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이거나;

(b) 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인

결합 단백질.

청구항 11

제7항에 있어서,

(a) 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이거나;

(b) 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인

결합 단백질.

청구항 12

제1항에 있어서, 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인 결합 단백질.

청구항 13

제7항에 있어서, 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인 결합 단백질.

청구항 14

제1항에 있어서,

(a) L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산이거나;

(b) L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산인

결합 단백질.

청구항 15

제7항에 있어서,

(a) L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산이거나;

(b) L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산인

결합 단백질.

청구항 16

제14항에 있어서, L_1, L_2, L_3, 및/또는 L_4는 서열 Asp-Lys-Thr-His-Thr (서열 번호 525)을 포함하는 것인 결합 단백질.

청구항 17

제15항에 있어서, L_1, L_2, L_3, 및/또는 L_4는 서열 Asp-Lys-Thr-His-Thr (서열 번호 525)을 포함하는 것인 결합 단백질.

청구항 18

제1항 내지 제17항 중 어느 한 항의 결합 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 단리된 핵산 분자.

청구항 19

제18항의 핵산 분자를 포함하는 발현 벡터.

청구항 20

제1항 내지 제17항 중 어느 한 항의 결합 단백질의 제1, 제2, 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 하나 이상의 벡터를 포함하는 벡터 시스템.

청구항 21

제20항에 있어서,

(a) 벡터 시스템이 결합 단백질의 제1 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 결합 단백질의 제2 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터, 결합 단백질의 제3 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제3 벡터, 및 결합 단백질의 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제4 벡터를 포함하거나,

(b) 벡터 시스템이 결합 단백질의 제1 및 제2 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 및 결합 단백질의 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터를 포함하는

벡터 시스템.

청구항 22

제18항의 핵산 분자를 포함하는 단리된 숙주 세포.

청구항 23

제19항의 발현 벡터를 포함하는 단리된 숙주 세포.

청구항 24

제20항의 벡터 시스템을 포함하는 단리된 숙주 세포.

청구항 25

제22항에 있어서, 숙주 세포는 포유류 세포 또는 곤충 세포인 단리된 숙주 세포.

청구항 26

a) 제22항의 숙주 세포를, 상기 숙주 세포가 결합 단백질을 발현하도록 하는 조건 하에 배양하는 단계; 및

b) 상기 결합 단백질을 숙주 세포로부터 단리하는 단계

를 포함하는, 결합 단백질을 제조하는 방법.

청구항 27

제23항에 있어서, 숙주 세포는 포유류 세포 또는 곤충 세포인 단리된 숙주 세포.

청구항 28

a) 제23항의 숙주 세포를, 상기 숙주 세포가 결합 단백질을 발현하도록 하는 조건 하에 배양하는 단계; 및

b) 상기 결합 단백질을 숙주 세포로부터 단리하는 단계

를 포함하는, 결합 단백질을 제조하는 방법.

청구항 29

제24항에 있어서, 숙주 세포는 포유류 세포 또는 곤충 세포인 단리된 숙주 세포.

청구항 30

a) 제24항의 숙주 세포를, 상기 숙주 세포가 결합 단백질을 발현하도록 하는 조건 하에 배양하는 단계; 및

b) 상기 결합 단백질을 숙주 세포로부터 단리하는 단계

를 포함하는, 결합 단백질을 제조하는 방법.

청구항 31

제1항 내지 제17항 중 어느 한 항의 결합 단백질을 포함하는, 환자에서의 HIV 감염의 예방 또는 치료를 위한 제약 조성물.

청구항 32

제31항에 있어서, 상기 결합 단백질은 표준 항-레트로바이러스 요법제와 함께 공동투여 될 것인 제약 조성물.

청구항 33

제31항에 있어서, 상기 결합 단백질은 표준 항-레트로바이러스 요법제와 공동투여 되는 것인 제약 조성물.

청구항 34

제31항에 있어서, 환자는 인간인 제약 조성물.

청구항 35

삭제

청구항 36

삭제

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

청구항 40

삭제

청구항 41

삭제

청구항 42

삭제

청구항 43

삭제

청구항 44

삭제

청구항 45

삭제

청구항 46

삭제

청구항 47

삭제

청구항 48

삭제

청구항 49

삭제

청구항 50

삭제

청구항 51

삭제

청구항 52

삭제

청구항 53

삭제

청구항 54

삭제

청구항 55

삭제

청구항 56

삭제

청구항 57

삭제

청구항 58

삭제

청구항 59

삭제

청구항 60

삭제

청구항 61

삭제

청구항 62

삭제

청구항 63

삭제

청구항 64

삭제

청구항 65

삭제

청구항 66

삭제

청구항 67

삭제

청구항 68

삭제

청구항 69

삭제

청구항 70

삭제

청구항 71

삭제

청구항 72

삭제

청구항 73

삭제

청구항 74

삭제

청구항 75

삭제

청구항 76

삭제

청구항 77

삭제

청구항 78

삭제

청구항 79

삭제

청구항 80

삭제

청구항 81

삭제

청구항 82

삭제

청구항 83

삭제

청구항 84

삭제

청구항 85

삭제

청구항 86

삭제

청구항 87

삭제

청구항 88

삭제

청구항 89

삭제

청구항 90

삭제

청구항 91

삭제

청구항 92

삭제

청구항 93

삭제

청구항 94

삭제

청구항 95

삭제

청구항 96

삭제

청구항 97

삭제

청구항 98

삭제

청구항 99

삭제

청구항 100

삭제

청구항 101

삭제

청구항 102

삭제

청구항 103

삭제

청구항 104

삭제

청구항 105

삭제

청구항 106

삭제

청구항 107

삭제

청구항 108

삭제

청구항 109

삭제

청구항 110

삭제

청구항 111

삭제

청구항 112

삭제

청구항 113

삭제

청구항 114

삭제

청구항 115

삭제

청구항 116

삭제

청구항 117

삭제

청구항 118

삭제

청구항 119

삭제

청구항 120

삭제

청구항 121

삭제

청구항 122

삭제

청구항 123

삭제

청구항 124

삭제

청구항 125

삭제

청구항 126

삭제

청구항 127

삭제

청구항 128

삭제

청구항 129

삭제

청구항 130

삭제

청구항 131

삭제

청구항 132

삭제

청구항 133

삭제

청구항 134

삭제

청구항 135

삭제

청구항 136

삭제

청구항 137

삭제

청구항 138

삭제

청구항 139

삭제

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] 관련 출원의 상호 참조

[0002] 본 출원은 2015년 10월 25일자로 출원된 미국 가출원 제62/246,113호, 2016년 2월 24일자로 출원된 유럽 특허 출원 제16305211.1호, 2016년 4월 13일자로 출원된 미국 가출원 제62/322,029호, 및 2016년 5월 03일자로 출원된 미국 가출원 제62/331,169호의 우선권 상의 이득을 청구하며, 이들은 본원에 그 전체가 참고로 포함된다.

[0003] 본 발명은 미국 보건 복지부(Department of Health and Human Services)의 기관인 미국 국립 보건원과의 연구 개발 협력 협정(Cooperative Research and Development Agreement)(NIAID #2014-0038)의 수행에서 생성되었다. 미국 정부는 본 발명에 있어서 특정 권리를 갖는다.

[0004] ASCII 텍스트 파일로의 서열 목록 제출

[0005] ASCII 텍스트 파일로의 하기 제출의 내용은 그 전체가 본원에 참고로 포함된다: 컴퓨터 판독가능 형태(computer readable form; CRF)의 서열 목록 (파일명: 183952027041SEQLIST.txt, 기록된 날짜: 2016년 10월 19일, 크기: 1,064 KB).

[0006] 본 발명은 하나 이상의 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 3특이성(trispecific) 및/또는 3가 결합 단백질에 관한 것이며, 여기서, 결합 단백질을 형성하는 제1 폴리펩티드 쌍은 교차 배향(cross-over orientation)을 갖는 이중 가변 도메인을 보유하고, 결합 단백질을 형성하는 제2 폴리펩티드 쌍은 단일 가변 도메인을 보유한다. 또한 본 발명은 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질의 제조 방법 및 HIV/에이즈(AIDS)의 치료 및/또는 예방에 있어서의 그러한 결합 단백질의 용도에 관한 것이다.

배 경 기 술

[0007] 중화 항체를 이용한 HIV/에이즈의 치료에서의 난제들 중 하나는 HIV-1 바이러스의 높은 돌연변이율로 인한 잠재적인 돌파 감염(breakthrough infection)이다. 부가적으로, HIV-1 전염 후 이른 몇 주 내에서의 바이러스학적인 사건(virological event)은 현재 이용가능한 항레트로바이러스제 병용 요법(combination antiretroviral therapy; cART)으로 치유할 수 없는 채로 남아 있는 평생 만성 감염(lifelong chronic infection)의 병기를 정한다. 이것은, 적어도 부분적으로는 cART에도 불구하고 지속되는, 잠복성 감염 세포를 포함하는 바이러스 저장소(viral reservoir)의 조기 확립으로 인한 것이며, 이는 치료가 중단될 때 재발성 감염을 초래한다. 폭 및 효력이 개선된 새롭게 발견된 항-HIV-1 중화 항체는 HIV/에이즈의 치료 및 예방에 대한 더 많은 선택권을 제공할 수 있지만; 돌파 감염은 이 분야에서 여전히 주요 쟁점이다.

발명의 내용

[0008] 일 실시 양태에서, 본 발명은 하나 이상의 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0009] [화학식 I]

[0010] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0011] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0012] [화학식 II]

[0013] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0014] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0015] [화학식 III]

[0016] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0017] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0018] [화학식 IV]

[0019] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0020] 상기 식에서,

[0021] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0022] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0023] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0024] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0025] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0026] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0027] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0028] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0029] L_1, L_2, L_3, 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0030] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0031] 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실

시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 및 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다.

[0032] 일 실시 양태에서, 본 발명은 하나 이상의 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0033] [화학식 I]

[0034] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0035] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0036] [화학식 II]

[0037] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0038] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0039] [화학식 III]

[0040] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0041] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0042] [화학식 IV]

[0043] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0044] 상기 식에서,

[0045] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0046] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0047] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0048] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0049] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0050] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0051] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0052] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0053] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[0054] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[0055] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[0056] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0057] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0058] 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다. 일부 실시 양태에서, 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다.

[0059] 일부 실시 양태에서, 상기 하나 이상의 HIV 표적 단백질은 당단백질 120, 당단백질 41 및 당단백질 160으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 3특이성이며, 단일 HIV 표적 단백질 상의 3개의 상이한 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 3특이성이며, 제1 HIV 표적 단백질 상의 2개의 상이한 에피토프 및 제2 HIV 표적 단백질 상의 하나의 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있고, 여기서, 제1 및 제2 HIV 표적 단백질은 상이하다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 3특이성이며, 3개의 상이한 항원 표적에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 하나 이상의 HIV 표적 단백질들의 기능을 저해할 수 있다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 278, 279 및 280으로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521. 일부 실시 양태에서, V_{L2}는 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 278, 279 및 280으로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{L2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521. 일부 실시 양태에서, V_{L2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521. 일부 실시 양태에서, V_{L3}은 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 278, 279 및 280으로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{L3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521. 일부 실시 양태에서, V_{L3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521. 일부 실시 양태에서, V_{H1}은 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및

256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 99, 261 및 262로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{H1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508. 일부 실시 양태에서, V_{H1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508. 일부 실시 양태에서, V_{H2}는 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 63, 264, 및 265으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 99, 261 및 262로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{H2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508. 일부 실시 양태에서, V_{H2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508. 일부 실시 양태에서, V_{H3}은 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 3, 264, 및 265으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 99, 261 및 262로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{H3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508. 일부 실시 양태에서, V_{H3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 500의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 501의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 274의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 275의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 277의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 266의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 267의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 268의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 254의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 255의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 256의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 257의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 248의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 497의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 250의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 518의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 512의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 502의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 512의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 502의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 500의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 501의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 274의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 275의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 277의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열

을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 254의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 255의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 256의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 257의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 518의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 275의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 277의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 500의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 501의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 274의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 257의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 254의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 255의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 256의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 519의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 518의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 506의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 504의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산이다. 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산이다. 일부 실시 양태에서, L_1은 Asp-Lys-Thr-His-Thr (서열 번호 525)을 포함한다.

[0060] 일 실시 양태에서, 본 발명은 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0061] [화학식 I]

[0062] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0063] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0064] [화학식 II]

[0065] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0066] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0067] [화학식 III]

[0068] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0069] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0070] [화학식 IV]

[0071] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0072] 상기 식에서,

[0073] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0074] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0075] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0076] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0077] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0078] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0079] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0080] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0081] L_1, L_2, L_3, 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0082] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[0083] 여기서,

[0084] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 2, 4, 10, 12, 18, 20, 26, 28, 34, 36, 42, 44, 50, 52, 58, 60, 66, 68, 74, 76, 82, 84, 90, 92, 98, 100, 106, 108, 114, 116, 122, 124, 130, 132, 138, 140, 146, 148, 154, 156, 162, 164, 170, 172, 178, 180, 186, 188, 194, 196, 202, 204, 210,212, 218, 220, 226, 228, 233, 235, 241, 243 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0085] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 283 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[0086] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 1, 3, 9, 11, 17, 10, 25, 27, 33, 35, 41, 43, 49, 51, 57, 59, 65, 67, 73, 75, 81, 83, 89, 91, 97, 99, 105, 107, 113, 115, 121, 123, 129, 131, 137, 139, 145, 147, 153, 155, 161, 163, 169, 171, 177, 179, 185, 187, 193, 195, 201, 203, 209, 211, 217, 219, 225, 227, 232, 234, 240, 242 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0087] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 265 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함한다.

[0088] 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로

불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 및 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다.

[0089] 일 실시 양태에서, 본 발명은 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0090] [화학식 I]

[0091] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0092] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0093] [화학식 II]

[0094] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0095] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0096] [화학식 III]

[0097] V_{H3}- C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0098] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0099] [화학식 IV]

[0100] V_{L3}- C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0101] 상기 식에서,

[0102] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0103] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0104] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0105] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0106] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0107] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0108] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0109] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0110] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[0111] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[0112] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[0113] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0114] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[0115] 여기서,

[0116] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 2, 4, 10, 12, 18, 20, 26, 28, 34, 36, 42, 44, 50, 52, 58, 60, 66, 68, 74, 76, 82, 84, 90, 92, 98, 100, 106, 108, 114, 116, 122, 124, 130, 132, 138, 140, 146, 148, 154, 156, 162, 164, 170, 172, 178, 180, 186, 188, 194, 196, 202, 204, 210,212, 218, 220, 226, 228, 233, 235, 241, 243 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0117] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 283 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[0118] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 1, 3, 9, 11, 17, 10, 25, 27, 33, 35, 41, 43, 49, 51, 57, 59, 65, 67, 73, 75, 81, 83, 89, 91, 97, 99, 105, 107, 113, 115, 121, 123, 129, 131, 137, 139, 145, 147, 153, 155, 161, 163, 169, 171, 177, 179, 185, 187, 193, 195, 201, 203, 209, 211, 217, 219, 225, 227, 232, 234, 240, 242 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0119] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 265 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함한다.

[0120] 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다. 일부 실시 양태에서, 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다.

[0121] 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산이다. 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산이다. 일부 실시 양태에서, L_1은 Asp-Lys-Thr-His-Thr (서열 번호 525)을 포함한다.

[0122] 일 실시 양태에서, 본 발명은 3가지의 상이한 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩

티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0123] [화학식 I]

[0124] V_{L2}-L_1-V_{L1}-L_2-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0125] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0126] [화학식 II]

[0127] V_{H1}-L_3-V_{H2}-L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0128] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0129] [화학식 III]

[0130] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0131] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0132] [화학식 IV]

[0133] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0134] 상기 식에서,

[0135] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0136] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0137] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0138] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0139] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0140] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0141] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0142] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0143] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0144] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0145] 일 실시 양태에서, 본 발명은 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0146] [화학식 I]

[0147] V_{L2}-L_1-V_{L1}-L_2-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0148] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0149] [화학식 II]

[0150] V_{H1}-L_3-V_{H2}-L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0151] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0152] [화학식 III]

[0153] V_{H3}- C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0154] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0155] [화학식 IV]

[0156] V_{L3}- C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0157] 상기 식에서,

[0158] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0159] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0160] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0161] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0162] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0163] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0164] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0165] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0166] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0167] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[0168] 여기서,

[0169] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 2, 4, 10, 12, 18, 20, 26, 28, 34, 36, 42, 44, 50, 52, 58, 60, 66, 68, 74, 76, 82, 84, 90, 92, 98, 100, 106, 108, 114, 116, 122, 124, 130, 132, 138, 140, 146, 148, 154, 156, 162, 164, 170, 172, 178, 180, 186, 188, 194, 196, 202, 204, 210,212, 218, 220, 226, 228, 233, 235, 241, 243 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0170] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 283 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[0171] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 1, 3, 9, 11, 17, 10, 25, 27, 33, 35, 41, 43, 49, 51, 57, 59, 65, 67, 73, 75, 81, 83, 89, 91, 97, 99, 105, 107, 113, 115, 121, 123, 129, 131, 137, 139, 145, 147, 153, 155, 161, 163, 169, 171, 177, 179, 185, 187, 193, 195, 201, 203, 209, 211, 217, 219, 225, 227, 232, 234, 240, 242 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0172] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 265 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함한다.

[0173] 또 다른 실시 양태에서, 본 발명은 제1 폴리펩티드 사슬, 제2 폴리펩티드 사슬, 제3 폴리펩티드 사슬 및 제4 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서,

[0174] (a) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 4의 아미노산 서열 또는 서열 번호 4의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 3의 아미노산 서열 또는 서열 번호 3의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 1의 아미노산 서열 또는 서열 번호 1의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 2의 아미노산 서열 또는 서열 번호 2의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0175] (b) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 12의 아미노산 서열 또는 서열 번호 12의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 11의 아미노산 서열 또는 서열 번호 11의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 9의 아미노산 서열 또는 서열 번호 9의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열

번호 10의 아미노산 서열 또는 서열 번호 10의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0176] (c) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 20의 아미노산 서열 또는 서열 번호 20의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 19의 아미노산 서열 또는 서열 번호 19의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 17의 아미노산 서열 또는 서열 번호 17의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 18의 아미노산 서열 또는 서열 번호 18의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0177] (d) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 28의 아미노산 서열 또는 서열 번호 28의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 27의 아미노산 서열 또는 서열 번호 27의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 25의 아미노산 서열 또는 서열 번호 25의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 26의 아미노산 서열 또는 서열 번호 26의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0178] (e) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 36의 아미노산 서열 또는 서열 번호 36의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 35의 아미노산 서열 또는 서열 번호 35의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 33의 아미노산 서열 또는 서열 번호 33의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 34의 아미노산 서열 또는 서열 번호 34의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0179] (f) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 44의 아미노산 서열 또는 서열 번호 44의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 43의 아미노산 서열 또는 서열 번호 43의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 41의 아미노산 서열 또는 서열 번호 41의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 42의 아미노산 서열 또는 서열 번호 42의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0180] (g) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 52의 아미노산 서열 또는 서열 번호 52의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 51의 아미노산 서열 또는 서열 번호 51의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 49의 아미노산 서열 또는 서열 번호 49의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 50의 아미노산 서열 또는 서열 번호 50의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0181] (h) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 60의 아미노산 서열 또는 서열 번호 60의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 59의 아미노산 서열 또는 서열 번호 59의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 57의 아미노산 서열 또는 서열 번호 57의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 58의 아미노산 서열 또는 서열 번호 58의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0182] (i) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 68의 아미노산 서열 또는 서열 번호 68의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 67의 아미노산 서열 또는 서열 번호 67의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 65의 아미노산 서열 또는 서열 번호 65의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 66의 아미노산 서열 또는 서열 번호 66의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0183] (j) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 76의 아미노산 서열 또는 서열 번호 76의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 75의 아미노산 서열 또는 서열 번호 75의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 73의 아미노산 서열 또는 서열 번호 73의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 74의 아미노산 서열 또는 서열 번호 74의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0184] (k) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 84의 아미노산 서열 또는 서열 번호 84의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 83의 아미노산 서열 또는 서열 번호 83의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 81의 아미노산 서열 또는 서열 번호 81의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 82의 아미노산 서열 또는 서열 번호 82의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0185] (l) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 92의 아미노산 서열 또는 서열 번호 92의 아미노산 서열과 95% 이상 동일

한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 91의 아미노산 서열 또는 서열 번호 91의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 89의 아미노산 서열 또는 서열 번호 89의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 90의 아미노산 서열 또는 서열 번호 90의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0186] (m) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 100의 아미노산 서열 또는 서열 번호 100의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 99의 아미노산 서열 또는 서열 번호 99의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 97의 아미노산 서열 또는 서열 번호 97의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 98의 아미노산 서열 또는 서열 번호 98의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0187] (n) 제1 폴리펩티드는 서열 번호 108의 아미노산 서열 또는 서열 번호 108의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 107의 아미노산 서열 또는 서열 번호 107의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 105의 아미노산 서열 또는 서열 번호 105의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 106의 아미노산 서열 또는 서열 번호 106의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0188] (o) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 116의 아미노산 서열 또는 서열 번호 116의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 115의 아미노산 서열 또는 서열 번호 115의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 113의 아미노산 서열 또는 서열 번호 113의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 114의 아미노산 서열 또는 서열 번호 114의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0189] (p) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 124의 아미노산 서열 또는 서열 번호 124의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 123의 아미노산 서열 또는 서열 번호 123의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 121의 아미노산 서열 또는 서열 번호 121의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 122의 아미노산 서열 또는 서열 번호 122의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0190] (q) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 132의 아미노산 서열 또는 서열 번호 132의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 131의 아미노산 서열 또는 서열 번호 131의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 129의 아미노산 서열 또는 서열 번호 129의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 130의 아미노산 서열 또는 서열 번호 130의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0191] (r) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 140의 아미노산 서열 또는 서열 번호 140의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 139의 아미노산 서열 또는 서열 번호 139의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 137의 아미노산 서열 또는 서열 번호 137의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 138의 아미노산 서열 또는 서열 번호 138의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0192] (s) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 148의 아미노산 서열 또는 서열 번호 148의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 147의 아미노산 서열 또는 서열 번호 147의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 145의 아미노산 서열 또는 서열 번호 145의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 146의 아미노산 서열 또는 서열 번호 146의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0193] (t) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 156의 아미노산 서열 또는 서열 번호 156의 아미노산 서열과 95% 이상 동

일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 155의 아미노산 서열 또는 서열 번호 155의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 153의 아미노산 서열 또는 서열 번호 153의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 154의 아미노산 서열 또는 서열 번호 154의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0194] (u) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 164의 아미노산 서열 또는 서열 번호 164의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 163의 아미노산 서열 또는 서열 번호 163의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 161의 아미노산 서열 또는 서열 번호 161의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 162의 아미노산 서열 또는 서열 번호 162의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0195] (v) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 172의 아미노산 서열 또는 서열 번호 172의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 171의 아미노산 서열 또는 서열 번호 171의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 169의 아미노산 서열 또는 서열 번호 169의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 170의 아미노산 서열 또는 서열 번호 170의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0196] (w) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 180의 아미노산 서열 또는 서열 번호 180의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 179의 아미노산 서열 또는 서열 번호 179의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 177의 아미노산 서열 또는 서열 번호 177의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 178의 아미노산 서열 또는 서열 번호 178의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0197] (x) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 188의 아미노산 서열 또는 서열 번호 188의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 187의 아미노산 서열 또는 서열 번호 187의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 185의 아미노산 서열 또는 서열 번호 185의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 186의 아미노산 서열 또는 서열 번호 186의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0198] (y) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 196의 아미노산 서열 또는 서열 번호 196의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 195의 아미노산 서열 또는 서열 번호 195의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 193의 아미노산 서열 또는 서열 번호 193의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 194의 아미노산 서열 또는 서열 번호 194의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0199] (z) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 204의 아미노산 서열 또는 서열 번호 204의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 203의 아미노산 서열 또는 서열 번호 203의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 201의 아미노산 서열 또는 서열 번호 201의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 202의 아미노산 서열 또는 서열 번호 202의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0200] (aa) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 212의 아미노산 서열 또는 서열 번호 212의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 211의 아미노산 서열 또는 서열 번호 211의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 209의 아미노산 서열 또는 서열 번호 209의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 210의 아미노산 서열 또는 서열 번호 210의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0201] (bb) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 220의 아미노산 서열 또는 서열 번호 220의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 219의 아미노산 서열 또는 서열 번호 219의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 217의 아미노산 서열 또는 서열 번호 217의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 218의 아미노산 서열 또는 서열 번호 218의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0202] (cc) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 228의 아미노산 서열 또는 서열 번호 228의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 227의 아미노산 서열 또는 서열 번호 227의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 225의 아미노산 서열 또는 서열 번호 225의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 226의 아미노산 서열 또는 서열 번호 226의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0203] (dd) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 235의 아미노산 서열 또는 서열 번호 235의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 234의 아미노산 서열 또는 서열 번호 234의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 232의 아미노산 서열 또는 서열 번호 232의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 233의 아미노산 서열 또는 서열 번호 233의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나; 또는

[0204] (ee) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 243의 아미노산 서열 또는 서열 번호 243의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 242의 아미노산 서열 또는 서열 번호 242의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 240의 아미노산 서열 또는 서열 번호 240의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 241의 아미노산 서열 또는 서열 번호 241의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0205] 일 실시 양태에서, 본 발명은 하나 이상의 HIV 표적 단백질 및 하나 이상의 T 세포 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0206] [화학식 I]

[0207] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0208] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0209] [화학식 II]

[0210] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0211] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0212] [화학식 III]

[0213] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0214] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0215] [화학식 IV]

[0216] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0217] 상기 식에서,

[0218] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0219] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0220] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0221] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0222] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0223] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0224] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0225] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0226] L_1, L_2, L_3, 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0227] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0228] 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 및 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다.

[0229] 일 실시 양태에서, 본 발명은 하나 이상의 HIV 표적 단백질 및 하나 이상의 T 세포 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0230] [화학식 I]

[0231] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0232] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0233] [화학식 II]

[0234] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0235] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0236] [화학식 III]

[0237] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0238] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0239] [화학식 IV]

[0240] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0241] 상기 식에서,

[0242] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0243] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0244] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0245] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0246] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0247] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0248] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0249] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0250] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[0251] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[0252] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[0253] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0254] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0255] 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다. 일부 실시 양태에서, 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다.

[0256] 일부 실시 양태에서, 상기 하나 이상의 HIV 표적 단백질은 당단백질 120, 당단백질 41 및 당단백질 160으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 실시 양태에서, 상기 하나 이상의 T 세포 표적 단백질은 CD3 또는 CD28이다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 3특이성이며, 단일 T 세포 표적 단백질 상의 2개의 상이한 에피토프 및 하나의 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 3특이성이며, 하나의 HIV 표적 단백질 및 2가지의 상이한 T 세포 표적 단백질에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 3특이성이며, 단일 HIV 표적 단백질 상의 2개의 상이한 에피토프 및 하나의 T 세포 표적 단백질에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 3특이성이며, 하나의 T 세포 표적 단백질 및 2

가지의 상이한 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 제1 및 제2 폴리펩티드 사슬은 2가지의 T 세포 표적 단백질을 특이적으로 표적화하는 2개의 항원 결합 부위를 형성하며, 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬은 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 항원 결합 부위를 형성한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 278, 279, 및 280으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 488, 489, 및 490으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 491, 492, 및 493으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 494, 495 및 496으로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524. 일부 실시 양태에서, V_{L2}는 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 278, 279, 및 280으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 488, 489, 및 490으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 491, 492, 및 493으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 494, 495 및 496으로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{L2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.일부 실시 양태에서, V_{L2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.일부 실시 양태에서, V_{L3}은 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 278, 279, 및 280으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 488, 489, 및 490으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 491, 492, 및 493으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 494, 495 및 496으로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{L3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524. 일부 실시 양태에서, V_{L3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524. 일부 실시 양태에서, V_{H1}은 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 각각 서열 번호 499, 261, 및 262로 개시된 서열; 각각 서열 번호 479, 480, 및 481로 개시된 서열; 각각 서열 번호 482, 483, 및 484로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 485, 486 및 487로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{H1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511. 일부 실시 양태에서, V_{H1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511. 일부 실시 양태에서, V_{H2}는 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 각각 서열 번호 499, 261, 및 262로 개시된 서열; 각각 서열 번호 479, 480, 및 481로 개시된 서열; 각각 서열 번호 482, 483, 및 484로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 485, 486 및 487로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{H2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511. 일부 실시 양태에서, V_{H2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을

포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511. 일부 실시 양태에서, V_{H3}은 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 각각 서열 번호 499, 261, 및 262로 개시된 서열; 각각 서열 번호 479, 480, 및 481로 개시된 서열; 각각 서열 번호 482, 483, 및 484로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 485, 486 및 487로 개시된 서열. 일부 실시 양태에서, V_{H3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511. 일부 실시 양태에서, V_{H3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 488의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 489의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 490의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 494의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 495의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 496의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 479의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 480의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 481의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 485의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 486의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 487의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 522의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 524의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 509의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 511의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 522의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 524의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 13의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 509의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 511의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 494의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 495의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 496의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 488의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 489의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 490의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 485의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 486의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 487의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 479의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 480의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 481의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 524의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 522의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 511의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 509의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하

는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 524의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 522의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 511의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 509의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산이다. 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산이다. 일부 실시 양태에서, L_1은 Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299)이다.

[0257] 일 실시 양태에서, 본 발명은 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0258] [화학식 I]

[0259] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0260] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0261] [화학식 II]

[0262] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0263] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0264] [화학식 III]

[0265] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0266] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0267] [화학식 IV]

[0268] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0269] 상기 식에서,

[0270] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0271] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0272] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0273] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0274] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0275] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0276] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0277] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0278] L_1, L_2, L_3, 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0279] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[0280] 여기서,

[0281] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 303, 305, 311, 313, 319, 321, 327, 329, 335, 337, 343, 345, 351, 353, 359, 361, 367, 369, 375, 377, 383, 385, 391, 393, 399, 401, 407, 409, 415, 417, 423, 425, 431, 433, 439, 441, 447, 449, 455, 457, 463, 465, 471, 473 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0282] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 271, 275 내지 277, 488 내지 496 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[0283] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 302, 304, 310, 312, 318, 320, 326, 328, 334, 336, 342, 344, 350, 352, 358, 360, 366, 368, 374, 376, 382, 384, 390, 392, 398, 400, 406, 408, 414, 416, 422, 424, 430, 432, 438, 440, 446, 448, 454, 456, 462, 464, 470, 472 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0284] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 253, 257 내지 259, 479 내지 487 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함한다.

[0285] 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 및 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다.

[0286] 일 실시 양태에서, 본 발명은 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0287] [화학식 I]

[0288] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0289] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0290] [화학식 II]

[0291] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0292] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0293] [화학식 III]

[0294] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0295] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0296] [화학식 IV]

[0297] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0298] 상기 식에서,

[0299] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0300] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0301] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0302] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0303] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0304] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0305] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0306] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0307] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[0308] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[0309] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[0310] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0311] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[0312] 여기서,

[0313] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 303, 305, 311, 313, 319, 321, 327, 329, 335, 337, 343, 345, 351, 353, 359, 361, 367, 369, 375, 377, 383, 385, 391, 393, 399, 401, 407, 409, 415, 417, 423, 425, 431, 433, 439, 441, 447, 449, 455, 457, 463, 465, 471, 473 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0314] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 271, 275 내지 277, 488 내지 496 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[0315] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 302, 304, 310, 312, 318, 320, 326, 328, 334, 336, 342, 344, 350, 352, 358, 360, 366, 368, 374, 376, 382, 384, 390, 392, 398, 400, 406, 408, 414, 416, 422, 424, 430, 432, 438, 440, 446, 448, 454, 456, 462, 464, 470, 472 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0316] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 253, 257 내지 259, 479 내지 487 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함한다.

[0317] 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩

티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다. 일부 실시 양태에서, 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다.

[0318] 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산이다. 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산이다. 일부 실시 양태에서, L_1은 Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299)이다.

[0319] 일 실시 양태에서, 본 발명은 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0320] [화학식 I]

[0321] V_{L2}-L_1-V_{L1}-L_2-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0322] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0323] [화학식 II]

[0324] V_{H1}-L_3-V_{H2}-L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0325] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0326] [화학식 III]

[0327] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0328] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0329] [화학식 IV]

[0330] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0331] 상기 식에서,

[0332] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0333] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0334] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0335] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0336] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0337] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0338] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0339] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0340] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0341] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[0342] 여기서,

[0343] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 303, 305, 311, 313, 319, 321, 327, 329, 335, 337, 343, 345, 351, 353, 359, 361, 367, 369, 375, 377, 383, 385, 391, 393, 399, 401, 407, 409, 415, 417, 423, 425, 431, 433, 439, 441, 447, 449, 455, 457, 463, 465, 471, 473 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0344] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 271, 275 내지 277, 488 내지 496 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[0345] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 302, 304, 310, 312, 318, 320, 326, 328, 334, 336, 342, 344, 350, 352, 358, 360, 366, 368, 374, 376, 382, 384, 390, 392, 398, 400, 406, 408, 414, 416, 422, 424, 430, 432, 438, 440, 446, 448, 454, 456, 462, 464, 470, 472 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0346] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 253, 257 내지 259, 479 내지 487 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함한다.

[0347] 또 다른 실시 양태에서, 본 발명은 제1 폴리펩티드 사슬, 제2 폴리펩티드 사슬, 제3 폴리펩티드 사슬 및 제4 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질을 제공하며, 여기서,

[0348] (a) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 305의 아미노산 서열 또는 서열 번호 305의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 304의 아미노산 서열 또는 서열 번호 304의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 302의 아미노산 서열 또는 서열 번호 302의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 303의 아미노산 서열 또는 서열 번호 303의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0349] (b) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 313의 아미노산 서열 또는 서열 번호 313의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 312의 아미노산 서열 또는 서열 번호 312의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 310의 아미노산 서열 또는 서열 번호 310의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 311의 아미노산 서열 또는 서열 번호 311의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0350] (c) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 321의 아미노산 서열 또는 서열 번호 321의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 320의 아미노산 서열 또는 서열 번호 320의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 318의 아미노산 서열 또는 서열 번호 318의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 319의 아미노산 서열 또는 서열 번호 319의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0351] (d) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 329의 아미노산 서열 또는 서열 번호 329의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 328의 아미노산 서열 또는 서열 번호 328의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 326의 아미노산 서열 또는 서열 번호 326의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 327의 아미노산 서열 또는 서열 번호 327의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0352] (e) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 337의 아미노산 서열 또는 서열 번호 337의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 336의 아미노산 서열 또는 서열 번호 336의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 334의 아미노산 서열 또는 서열 번호 334의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 335의 아미노산 서열 또는 서열 번호 335의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0353] (f) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 345의 아미노산 서열 또는 서열 번호 345의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 344의 아미노산 서열 또는 서열 번호 344의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 342의 아미노산 서열 또는 서열 번호 342의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 343의 아미노산 서열 또는 서열 번호 343의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0354] (g) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 353의 아미노산 서열 또는 서열 번호 353의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 352의 아미노산 서열 또는 서열 번호 352의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 350의 아미노산 서열 또는 서열 번호 350의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 351의 아미노산 서열 또는 서열 번호 351의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0355] (h) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 361의 아미노산 서열 또는 서열 번호 361의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 360의 아미노산 서열 또는 서열 번호 360의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 358의 아미노산 서열 또는 서열 번호 358의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 359의 아미노산 서열 또는 서열 번호 359의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0356] (i) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 369의 아미노산 서열 또는 서열 번호 369의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 368의 아미노산 서열 또는 서열 번호 368의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 366의 아미노산 서열 또는 서열 번호 366의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 367의 아미노산 서열 또는 서열 번호 367의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0357] (j) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 377의 아미노산 서열 또는 서열 번호 377의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 376의 아미노산 서열 또는 서열 번호 376의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 374의 아미노산 서열 또는 서열 번호 374의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 375의 아미노산 서열 또는 서열 번호 375의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0358] (k) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 385의 아미노산 서열 또는 서열 번호 385의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 384의 아미노산 서열 또는 서열 번호 384의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 382의 아미노산 서열 또는 서열 번호 382의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 383의 아미노산 서열 또는 서열 번호 383의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0359] (l) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 393의 아미노산 서열 또는 서열 번호 393의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 392의 아미노산 서열 또는 서열 번호 392의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 390의 아미노산 서열 또는 서열 번호 390의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 391의 아미노산 서열 또는 서열 번호 391의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0360] (m) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 401의 아미노산 서열 또는 서열 번호 401의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 400의 아미노산 서열 또는 서열 번호 400의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 398의 아미노산 서열 또는 서열 번호 398의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 399의 아미노산 서열 또는 서열 번호 399의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포

함하거나;

[0361] (n) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 409의 아미노산 서열 또는 서열 번호 409의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 408의 아미노산 서열 또는 서열 번호 408의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 406의 아미노산 서열 또는 서열 번호 406의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 407의 아미노산 서열 또는 서열 번호 407의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0362] (p) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 417의 아미노산 서열 또는 서열 번호 417의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 416의 아미노산 서열 또는 서열 번호 416의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 414의 아미노산 서열 또는 서열 번호 414의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 415의 아미노산 서열 또는 서열 번호 415의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0363] (q) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 425의 아미노산 서열 또는 서열 번호 425의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 424의 아미노산 서열 또는 서열 번호 424의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 422의 아미노산 서열 또는 서열 번호 422의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 423의 아미노산 서열 또는 서열 번호 423의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0364] (r) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 433의 아미노산 서열 또는 서열 번호 433의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 432의 아미노산 서열 또는 서열 번호 432의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 430의 아미노산 서열 또는 서열 번호 430의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 431의 아미노산 서열 또는 서열 번호 431의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0365] (s) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 441의 아미노산 서열 또는 서열 번호 441의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 440의 아미노산 서열 또는 서열 번호 440의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 438의 아미노산 서열 또는 서열 번호 438의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 439의 아미노산 서열 또는 서열 번호 439의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0366] (t) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 449의 아미노산 서열 또는 서열 번호 449의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 448의 아미노산 서열 또는 서열 번호 448의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 446의 아미노산 서열 또는 서열 번호 446의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 447의 아미노산 서열 또는 서열 번호 447의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0367] (u) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 457의 아미노산 서열 또는 서열 번호 457의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 456의 아미노산 서열 또는 서열 번호 456의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 454의 아미노산 서열 또는 서열 번호 454의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 455의 아미노산 서열 또는 서열 번호 455의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0368] (v) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 465의 아미노산 서열 또는 서열 번호 465의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 464의 아미노산 서열 또는 서열 번호 464의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 462의 아미노산 서열 또는 서열 번호 462의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬

은 서열 번호 463의 아미노산 서열 또는 서열 번호 463의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나; 또는

[0369] (w) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 473의 아미노산 서열 또는 서열 번호 473의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 472의 아미노산 서열 또는 서열 번호 472의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 470의 아미노산 서열 또는 서열 번호 470의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 471의 아미노산 서열 또는 서열 번호 471의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0370] 일 실시 양태에서, 본 발명은 상기 실시 양태들 중 임의의 것에 따른 결합 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 단리된 핵산 분자를 제공한다. 일 실시 양태에서, 본 발명은 상기 실시 양태들 중 임의의 것에 따른 핵산 분자를 포함하는 발현 벡터를 제공한다. 일 실시 양태에서, 본 발명은 상기 실시 양태들 중 임의의 것에 따른 핵산 분자를 포함하는 단리된 숙주 세포를 제공한다. 일 실시 양태에서, 본 발명은 상기 실시 양태들 중 임의의 것에 따른 발현 벡터를 포함하는 단리된 숙주 세포를 제공한다. 일부 실시 양태에서, 단리된 숙주 세포는 포유류 세포 또는 곤충 세포이다. 일 실시 양태에서, 본 발명은 상기 실시 양태들 중 임의의 것에 따른 결합 단백질의 제1, 제2, 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 하나 이상의 벡터를 포함하는 벡터 시스템을 제공한다. 일부 실시 양태에서, 벡터 시스템은 결합 단백질의 제1 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 결합 단백질의 제2 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터, 결합 단백질의 제3 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제3 벡터, 및 결합 단백질의 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제4 벡터를 포함한다. 일부 실시 양태에서, 벡터 시스템은 결합 단백질의 제1 및 제2 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 및 결합 단백질의 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터를 포함한다. 일부 실시 양태에서, 상기 하나 이상의 벡터는 발현 벡터이다. 일 실시 양태에서, 본 발명은 상기 실시 양태들 중 임의의 것에 따른 벡터 시스템을 포함하는 단리된 숙주 세포를 제공한다. 일부 실시 양태에서, 단리된 숙주 세포는 포유류 세포 또는 곤충 세포이다. 일 실시 양태에서, 본 발명은 결합 단백질의 제조 방법을 제공하며, 본 방법은 a) 상기 실시 양태들 중 임의의 것에 따른 숙주 세포를, 상기 숙주 세포가 결합 단백질을 발현하도록 하는 조건 하에 배양하는 단계; 및 b) 결합 단백질을 숙주 세포로부터 단리하는 단계를 포함한다.

[0371] 일 실시 양태에서, 본 발명은 환자에서의 HIV 감염의 예방 및/또는 치료 방법을 제공하며, 이는 환자에게 상기 실시 양태들 중 임의의 것에 따른 적어도 하나의 결합 단백질의 치료적 유효량을 투여하는 단계를 포함한다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 표준 항레트로바이러스 요법제와 함께 공동 투여된다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질의 투여는 하나 이상의 HIV 비리온의 중화로 이어진다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질의 투여는 환자에서의 하나 이상의 잠복적 및/또는 만성적 HIV-감염 세포의 제거로 이어진다. 일부 실시 양태에서, 환자는 인간이다.

[0372] 일 실시 양태에서, 본 발명은 환자에서의 HIV 감염의 예방 또는 치료를 위한 상기 실시 양태들 중 임의의 것에 따른 결합 단백질을 제공한다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 표준 항레트로바이러스 요법제와 함께 공동 투여된다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 환자에서의 하나 이상의 HIV 비리온의 중화를 야기한다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 환자에서의 하나 이상의 잠복적 및/또는 만성적 HIV-감염 세포의 제거를 야기한다. 일부 실시 양태에서, 환자는 인간이다.

[0373] 본 발명의 특정 실시 양태는 특정한 실시 양태의 하기의 더 상세한 설명 및 청구범위로부터 자명해질 것이다.

[0374] 본원에 기술된 다양한 실시 양태의 특성 중 하나, 일부, 또는 전부는 본 발명의 다른 실시 양태를 형성하도록 조합될 수 있음이 이해되어야 한다. 본 발명의 이러한 측면 및 다른 측면은 당업자에게 명백해질 것이다.

도면의 간단한 설명

[0375] **도 1a** 내지 **1d**는 하나 이상의 항원 상의 3개의 상이한 에피토프에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 3특이성 결합 단백질의 개략도를 나타내며, 여기서, 제1 폴리펩티드 쌍은 2개의 항원 결합 부위 (V_{H1}-V_{L1} 및 V_{H2}-V_{L2}를 포함함)를 형성하는 교차 배향을 갖는 이중 가변 도메인을 보유하고, 제2 폴리펩티드 쌍은 단일 항원 결합 부위 (V_{H3}-V_{L3}을 포함함)를 보유하며, 이는 일부 실시 양태에 따른 것이다. **도 1a**는 "놉-인투-홀(knobs-into-holes)" 변형을 포함하는 3특이성 결합 단백질을 나타내며, 여기서, 놉은 제1 폴리펩티드 쌍 상에 있다. **도 1b**는 "놉-인투-홀" 변형을 포함하는 3특이성 결합 단백질을 나타내며, 여기서, 놉은 제2 폴리펩티드 쌍 상에 있다. **도 1c**는 폴리펩티드 사슬들 상의 가변 도메인들의 배향, 및

표 1 및 표 2에 예시된 결합 단백질 1 내지 31에 있어서의 놉/홀 배향을 나타낸다. “중쇄 A” (예를 들어, 본 발명의 제3 폴리펩티드 사슬)는 중쇄 A의 가변 도메인을 나타낸다. “경쇄 A” (예를 들어, 본 발명의 제4 폴리펩티드 사슬)는 경쇄 A의 가변 도메인을 나타낸다. “중쇄 B” (예를 들어, 본 발명의 제2 폴리펩티드 사슬)는 중쇄 B의 가변 도메인 1 및 가변 도메인 2를 나타낸다. “경쇄 B” (예를 들어, 본 발명의 제1 폴리펩티드 사슬)는 경쇄 B의 가변 도메인 1 및 가변 도메인 2를 나타낸다. **도 1d**는 폴리펩티드 사슬들 상의 가변 도메인들의 배향, 및 표 1 및 표 2에 예시된 결합 단백질 32 내지 53에 있어서의 놉/홀 배향을 나타낸다. “중쇄 A” (예를 들어, 본 발명의 제3 폴리펩티드 사슬)는 중쇄 A의 가변 도메인을 나타낸다. “경쇄 A” (예를 들어, 본 발명의 제4 폴리펩티드 사슬)는 경쇄 A의 가변 도메인을 나타낸다. “중쇄 B” (예를 들어, 본 발명의 제2 폴리펩티드 사슬)는 중쇄 B의 가변 도메인 1 및 가변 도메인 2를 나타낸다. “경쇄 B” (예를 들어, 본 발명의 제1 폴리펩티드 사슬)는 경쇄 B의 가변 도메인 1 및 가변 도메인 2를 나타낸다.

도 2a 및 2b는 먼저 친화성 크로마토그래피를 이용하고 그 후 분취용 크기 배제 크로마토그래피를 이용한 3가지의 3특이성 결합 단백질의 정제를 나타낸다. **도 2a**는 단백질 A 친화성 크로마토그래피를 이용한 정제 동안의 3특이성 결합 단백질의 용출 프로파일을 나타낸다. **도 2b**는 수퍼덱스(Superdex)200 크기 배제 크로마토그래피에 의한 단량체성 단백질의 정제를 나타낸다.

도 3a 및 도 3b는 먼저 친화성 크로마토그래피를 사용하고 그 후 분취용 크기 배제 크로마토그래피를 사용한 MPER Ab, CD4BS Ab “b”, 및 V1/V2 유도된 Ab “a” 모(parental) 항체의 정제를 나타낸다. **도 3a**는 단백질 A 친화성 크로마토그래피를 이용한 정제 동안의 모 항체의 용출 프로파일을 나타낸다. **도 3b**는 수퍼덱스200 크기 배제 크로마토그래피에 의한 단량체성 단백질의 정제를 나타낸다.

도 4a 및 4b는 2특이성 및 3특이성 결합 단백질의 크기 배제 크로마토그래피 프로파일을 나타낸다. **도 4a**는 2특이성 결합 단백질의 크기 배제 크로마토그래피 프로파일을 나타낸다. **도 4b**는 3특이성 결합 단백질의 크기 배제 크로마토그래피 프로파일을 나타낸다.

도 5는 HIV gp41-유래된 펩티드 (MPER 결합 부위)에 대한 3가지의 3특이성 결합 단백질 및 모 MPER Ab 항체의 결합 동역학(binding kinetics)의 비아코어 센서그램(Biacore sensogram)을 나타내며, 이는 표준 비아코어-기반 동태 검사(kinetic assay)에 의해 평가되는 바와 같다.

도 6은 재조합 HIV gp120에 대한 3가지의 3특이성 결합 단백질 및 모 CD4BS Ab “b” 항체의 결합 동역학의 비아코어 센서그램을 나타내며, 이는 표준 비아코어-기반 동태 검사에 의해 평가되는 바와 같다.

도 7은 붉은 털 원숭이(rhesus macaque)에서의 정맥내(IV) 주사 후의 표시된 단백질의 약동학적(pharmacokinetic; PK) 연구의 결과를 나타낸다.

도 8a 및 도 8b는 일부 실시 양태에 따른 3특이성 T-세포 관여항체(engager)의 개략도를 나타낸다. 결합 부위는 점원(dotted circle)으로 표시되어 있다.

도 9는 gp120의 CD3 (CD3E는 CD3엡실론 단백질을 나타내며; CD3D는 CD3델타 단백질을 나타냄), CD28, 및 재표면화 안정화 코어 3(Resurfaced Stabilized Core 3; RSC3) 단백질에의 3특이성 결합 단백질 “결합 단백질 32” 및 “CD3 x CD28 / CD4BS Ab ‘b’”, 및 음성 대조구 (인간 IgG)의 결합 특성을 나타낸다.

도 10은 음성 대조구 (mAb 없음)뿐만 아니라 3특이성 단백질인 “결합 단백질 32” 및 “CD3 x CD28 / CD4BS Ab ‘b’”를 사용한 CD8 T-세포 활성화를 모 CD4BS IgG4 항체와 비교한 것을 나타낸다.

도 11은 음성 대조구 (mAb 없음)뿐만 아니라 3특이성 단백질인 “결합 단백질 32” 및 “CD3 x CD28 / CD4BS Ab ‘b’”를 사용한 CD4 T-세포 활성화를 모 CD4BS IgG4 항체와 비교한 것을 나타낸다.

도 12는 음성 대조구 (mAb 없음) 뿐만 아니라 3특이성 단백질인 “결합 단백질 32” 및 “CD3 x CD28 / CD4BS Ab ‘b’”에 의한 T 세포 활성화 후 CD3 하향조절을 모 CD4BS IgG4 항체와 비교한 것을 나타낸다.

도 13의 A 내지 C는 잠복 감염 HIV-1^{+} T 세포에 대한 3특이성 결합 단백질에 있어서의 형광-활성화 세포 분류(fluorescence-activated cell sorting; FACS)-기반 세포독성 분석 결과를 나타낸다. **도 13의 A**는 CEM-BaL 세포와 함께 인큐베이션된 3특이성 결합 단백질에 대한 결과를 나타낸다. **도 13의 B**는 ACH2 세포와 함께 인큐베이션된 3특이성 결합 단백질에 대한 결과를 나타낸다. **도 13의 C**는 J1.1 세포와 함께 인큐베이션된 3특이성 결합 단백질에 대한 결과를 나타낸다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0376] 본 발명은 하나 이상의 인간 면역결핍 바이러스(HIV) 표적 단백질 및/또는 하나 이상의 T-세포 수용체 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질을 제공하며, 여기서, 결합 단백질을 형성하는 제1 폴리펩티드 쌍은 교차 배향을 갖는 이중 가변 도메인을 보유하고, 결합 단백질을 형성하는 제2 폴리펩티드 쌍은 단일 가변 도메인을 보유한다.

[0377] 하기 설명은 예시적인 방법, 파라미터 등을 개시한다. 그러나, 그러한 설명은 본 발명의 범주에 대한 제한으로서 의도되는 것이 아니라, 대신, 예시적인 실시 양태의 설명으로서 제공됨이 인지되어야 한다.

[0378] **정의**

[0379] 본 발명에 따라 이용되는 바와 같이, 하기 용어는, 달리 지시되지 않는 한, 하기 의미를 갖는 것으로 이해된다. 문맥에 의해 달리 요구되지 않는 한, 단수형 용어는 복수형을 포함할 것이고, 복수형 용어는 단수형을 포함할 것이다.

[0380] 본원에서 사용되는 바와 같이, "폴리뉴클레오티드"라는 용어는 10개 이상의 뉴클레오티드의 길이의 단일 가닥 또는 이중 가닥 핵산 중합체를 나타낸다. 특정 실시 양태에서, 폴리뉴클레오티드에 포함되는 뉴클레오티드는 리보뉴클레오티드 또는 데옥시리보뉴클레오티드 또는 어느 한 유형의 뉴클레오티드의 변형된 형태일 수 있다. 그러한 변형은 염기 변형체, 예컨대 브로모우리딘, 리보스 변형체, 예컨대 아라비노시드 및 2',3'-디데옥시리보스, 및 뉴클레오티드간 결합 변형체, 예컨대 포스포로티오에이트, 포스포로디티오에이트, 포스포로셀레노에이트, 포스포로디셀레노에이트, 포스포로아닐로티오에이트, 포스포르아닐라데이트 및 포스포로아미데이트를 포함한다. "폴리뉴클레오티드"라는 용어는 구체적으로 단일 가닥 및 이중 가닥 형태의 DNA를 포함한다.

[0381] "단리된 폴리뉴클레오티드"는 게놈, cDNA, 또는 합성 기원의 폴리뉴클레오티드 또는 이들의 일부의 조합으로서, 이는 (1) 단리된 폴리뉴클레오티드가 자연에서 발견되는 폴리뉴클레오티드 전부와 또는 이의 일부분과 결부되지 않거나, (2) 자연에서는 연결되지 않는 폴리뉴클레오티드에 연결되거나, 또는 (3) 자연에서는 더 큰 서열의 일부로서 존재하지 않는다.

[0382] "단리된 폴리펩티드"는 (1) 보통 함께 발견될 적어도 일부의 다른 폴리펩티드가 부재하는 것, (2) 동일한 공급원으로부터의, 예를 들어, 동일한 종으로부터의 다른 폴리펩티드가 본질적으로 부재하는 것, (3) 상이한 종들 유래의 세포에 의해 발현되는 것, (4) 적어도 약 50%의 폴리뉴클레오티드, 지질, 탄수화물, 또는 다른 물질 (자연에서는 단리된 폴리펩티드가 이와 결부되어 있음)로부터 분리된 것, (5) 자연에서는 "단리된 폴리펩티드"가 결부되어 있는 폴리펩티드의 부분들과 (공유적 또는 비공유적 상호작용에 의해) 결부되어 있지 않은 것, (6) 자연에서는 단리된 폴리펩티드가 결부되지 않는 폴리펩티드와 (공유적 또는 비공유적 상호작용에 의해) 작동가능하게 결부된 것, 또는 (7) 자연에서 존재하지 않는 것이다. 그러한 단리된 폴리펩티드는 게놈 DNA, cDNA, mRNA 또는 기타 RNA (합성 기원의 것), 또는 이들의 임의의 조합에 의해 코딩될 수 있다. 바람직하게는, 단리된 폴리펩티드에는 그의 천연 환경에서 발견되는 폴리펩티드 또는 기타 오염물질 (이는 그의 사용 (치료적 사용, 진단적 사용, 예방적 사용, 연구용 또는 다른 것)을 방해함)이 실질적으로 부재한다.

[0383] 천연 발생 항체는 전형적으로 사량체를 포함한다. 각각의 이러한 사량체는 전형적으로 동일한 두 쌍의 폴리펩티드 사슬로 구성되며, 각 쌍은 하나의 전장 "경쇄" (전형적으로, 분자량이 약 25 kDa임)와 하나의 전장 "중쇄" (전형적으로, 분자량이 약 50 내지 70 kDa임)를 갖는다. 본원에서 사용되는 바와 같이, "중쇄" 및 "경쇄"라는 용어는 표적 항원에 대한 특이성을 부여하기에 충분한 가변 도메인 서열을 갖는 임의의 면역글로불린 폴리펩티드를 나타낸다. 각각의 경쇄 및 중쇄의 아미노 말단 부분은 전형적으로 약 100 내지 110개 또는 그 이상의 아미노산의 가변 도메인을 포함하며, 상기 가변 도메인은 전형적으로 항원 인식에 책임이 있다. 각 사슬의 카르복시 말단 부분은 전형적으로 이펙터 기능(effector function)에 책임이 있는 불변 도메인을 정한다. 따라서, 천연 발생 항체에서, 전장 중쇄 면역글로불린 폴리펩티드는 하나의 가변 도메인 (V_H) 및 3개의 불변 도메인 (C_{H1}, C_{H2}, 및 C_{H3})을 포함하며, 여기서, V_H 도메인은 폴리펩티드의 아미노 말단에 있고, C_{H3} 도메인은 카르복시 말단에 있으며, 전장 경쇄 면역글로불린 폴리펩티드는 하나의 가변 도메인 (V_L) 및 하나의 불변 도메인 (C_L)을 포함하고, 여기서, V_L 도메인은 폴리펩티드의 아미노 말단에 있으며, C_L 도메인은 카르복시 말단에 있다.

[0384] 인간 경쇄는 전형적으로 카파 및 람다 경쇄로 분류되며, 인간 중쇄는 전형적으로 뮤, 델타, 감마, 알파, 또는

엡실론으로 분류되고, 항체의 이소타입(isotype)을 각각 IgM, IgD, IgG, IgA, 및 IgE로 정의한다. IgG는 IgG1, IgG2, IgG3, 및 IgG4를 포함하지만 이에 한정되는 것은 아닌 몇몇 하위클래스(subclass)를 갖는다. IgM은 IgM1 및 IgM2를 포함하지만 이에 한정되는 것은 아닌 하위클래스를 갖는다. 이와 유사하게, IgA는 IgA1 및 IgA2를 포함하지만 이에 한정되는 것은 아닌 하위클래스로 세분된다. 전장 경쇄 및 중쇄 내에서, 가변 도메인 및 불변 도메인은 전형적으로 약 12개 이상의 아미노산의 "J" 영역에 의해 연결되며, 이때 중쇄는 또한 약 10개 이상의 아미노산의 "D" 영역을 포함한다. 예를 들어, 문헌[Fundamental Immunology (Paul, W., ed., Raven Press, 2nd ed., 1989)]을 참조하는데, 이는 그 전체가 모든 목적을 위하여 참고로 포함된다. 각 경쇄/중쇄 쌍의 가변 영역들은 전형적으로 항원 결합 부위를 형성한다. 전형적으로 천연 발생 항체의 가변 도메인은 상보성 결정 영역 또는 CDR로도 칭해지는 3개의 초가변 영역에 의해 연결된 상대적으로 보존된 프레임워크 영역(framework region; FR)의 동일 일반 구조를 나타낸다. 각 쌍의 두 사슬로부터의 CDR은 전형적으로 프레임워크 영역과 나란히 정렬되며, 이는 특정 에피토프에의 결합을 가능하게 할 수 있다. 아미노 말단으로부터 카르복실 말단으로, 경쇄 및 중쇄 가변 도메인 둘 다는 전형적으로 도메인 FR1, CDR1, FR2, CDR2, FR3, CDR3, 및 FR4를 포함한다.

[0385] "CDR 세트" 라는 용어는 항원과 결합할 수 있는 단일 가변 영역에 존재하는 3개의 CDR의 군을 나타낸다. 이러한 CDR들의 정확한 경계부는 상이한 시스템에 따라 상이하게 정의되었다. 카바트(Kabat) (문헌[Kabat *et al.*, Sequences of Proteins of Immunological Interest (National Institutes of Health, Bethesda, Md. (1987) and (1991)])에 의해 기술된 시스템은 항체의 임의의 가변 영역에 적용가능한 명백한 잔기 넘버링(numbering) 시스템을 제공할 뿐만 아니라 3개의 CDR을 정의하는 정확한 잔기 경계부도 제공한다. 이러한 CDR은 카바트 CDR로 칭해질 수 있다. 초티아(Chothia) 및 협력자 (문헌[Chothia and Lesk, 1987, *J. Mol. Biol.* 196: 901-17]; 문헌[Chothia *et al.*, 1989, *Nature* 342: 877-83])는 카바트 CDR 내의 특정한 하위부분(sub-portion)이, 아미노산 서열 수준에서 큰 다양성을 가짐에도 불구하고, 거의 동일한 펩티드 골격 구조(backbone conformation)를 채용함을 발견하였다. 이러한 하위부분들은 L1, L2, 및 L3 또는 H1, H2, 및 H3으로 표기되었으며, 여기서, "L" 및 "H"는 각각 경쇄 영역 및 중쇄 영역을 표기한다. 이러한 영역들은 카바트 CDR과 중첩되는 경계부를 갖는 초티아 CDR로 칭해질 수 있다. 카바트 CDR과 중첩되는 CDR을 정의하는 다른 경계부는 문헌[Padlan, 1995, *FASEBJ.* 9: 133-39]; 문헌[MacCallum, 1996, *J. Mol. Biol.* 262(5): 732-45]; 및 문헌[Lefranc, 2003, *Dev. Comp. Immunol.* 27: 55-77]에서 기술되었다. 또 다른 CDR 경계부 정의는 본원에서의 시스템들 중 하나를 엄격히 따르지 않을 수도 있지만, 그럼에도 불구하고, 특정 잔기 또는 잔기 군 또는 심지어 전체 CDR이 항원 결합에 유의하게 영향을 주지 않는다는 실험적인 발견 또는 예측을 고려하면 카바트 CDR이 짧아지거나 길어질 수 있기는 하지만 카바트 CDR과 중첩될 것이다. 본원에서 사용되는 방법에서는 이러한 시스템들 중 임의의 것에 따라 정의되는 CDR을 이용될 수 있지만, 특정 실시 양태에서 카바트 또는 초티아 정의된 CDR이 사용된다. 아미노산 서열을 이용한 예측 CDR의 확인은 본 기술 분야에서, 예컨대 문헌[Martin, A.C. "Protein sequence and structure analysis of antibody variable domains, "*In Antibody Engineering*, Vol. 2. Kontermann R., Dübel S., eds. Springer-Verlag, Berlin, p. 33-51 (2010)]에 잘 알려져 있다. 또한 중쇄 및/또는 경쇄 가변 도메인의 아미노산 서열은 다른 통상적인 방법에 의해, 예를 들어 다른 중쇄 및 경쇄 가변 영역의 공지된 아미노산 서열과의 비교에 의해 CDR의 서열을 확인하여 서열 초가변 영역을 결정하도록 점검될 수 있다. 넘버링된 서열들은 육안으로, 또는 정렬 프로그램, 예컨대 CLUSTAL 스위트(suite)의 프로그램들 중 하나의 이용에 의해 정렬될 수 있으며, 이는 문헌[Thompson, 1994, *Nucleic Acids Res.* 22: 4673-80]에 기술된 바와 같다. 통상적으로 분자 모델을 이용하여 프레임워크 및 CDR 영역을 정확하게 묘사하고 그에 따라 서열-기반 배치를 보정한다.

[0386] 본원에서 사용되는 바와 같이, "Fc"라는 용어는 단량체 형태이든지 다량체 형태이든지 간에, 항체의 분해로부터 생기거나 다른 수단에 의해 생성된 비-항원-결합 단편의 서열을 포함하는 분자를 나타내며, 이는 힌지 영역을 함유할 수 있다. 천연 Fc의 본래의 면역글로불린 공급원은 바람직하게는 인간 기원이며, 임의의 면역글로불린일 수 있지만 IgG1 및 IgG2가 바람직하다. Fc 분자는 공유적(즉, 디술피드 결합) 및 비-공유적 회합에 의해 이량체 또는 다량체 형태로 연결될 수 있는 단량체형 폴리펩티드로 이루어진다. 천연 Fc 분자의 단량체 서브유닛 사이의 분자간 디술피드 결합의 수는 클래스 (예를 들어, IgG, IgA, 및 IgE) 또는 하위클래스 (예를 들어, IgG1, IgG2, IgG3, IgA1, 및 IgGA2)에 따라 1 내지 4개의 범위이다. Fc의 한 예로는 IgG의 파파인 분해로부터 생성되는 디술피드-결합된 이량체가 있다. 본원에서 사용되는 바와 같이, "Fc"라는 용어는 단량체, 이량체 및 다량체 형태의 총칭이다.

[0387] F(ab) 단편은 전형적으로 하나의 경쇄와, 하나의 중쇄의 V_H 및 C_{H1} 도메인을 포함하며, 여기서, F(ab) 단편의 V_H-C_{H1} 중쇄 부분은 또 다른 중쇄 폴리펩티드와 디술피드 결합을 형성할 수 없다. 본원에서 사용되는 바와 같이,

F(ab) 단편은 또한 아미노산 링커에 의해 분리된 2개의 가변 도메인을 포함하는 하나의 경쇄와, 아미노산 링커에 의해 분리된 2개의 가변 도메인 및 C_{H1} 도메인을 포함하는 하나의 중쇄를 포함할 수 있다.

[0388] F(ab') 단편은 전형적으로 하나의 경쇄와, (C_{H1} 도메인과 C_{H2} 도메인 사이에) 더 많은 불변 영역을 포함하는 하나의 중쇄의 일부분을 포함하여서, 사슬간 디술피드 결합이 2개의 중쇄 사이에서 형성되어 $F(ab')_2$ 분자를 형성할 수 있다.

[0389] 본원에서 사용되는 바와 같이, "결합 단백질"이라는 용어는 적어도 하나의 표적 항원에 특이적으로 결합하며, 적어도 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 비-천연 발생 (또는 재조합 또는 엔지니어링된(engineered)) 분자를 나타내고, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0390] [화학식 I]

[0391] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0392] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0393] [화학식 II]

[0394] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0395] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0396] [화학식 III]

[0397] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0398] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0399] [화학식 IV]

[0400] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 가지며

[0401] 상기 식에서,

[0402] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0403] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0404] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0405] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0406] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0407] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0408] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0409] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0410] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0411] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0412] "재조합" 분자는 재조합 수단에 의해 제조되거나, 발현되거나, 생성되거나, 단리된 것이다.

[0413] 본 발명의 일 실시 양태는 1 내지 3개의 표적 항원에 대한 생물학적 및 면역학적 특이성을 갖는 결합 단백질을 제공한다. 본 발명의 또 다른 실시 양태는 그러한 결합 단백질을 형성하는 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 핵산 분자를 제공한다. 본 발명의 또 다른 실시 양태는 그러한 결합 단백질을 형성하는 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 핵산 분자를 포함하는 발현 벡터를 제공한다. 본 발

명의 또 다른 실시 양태는 그러한 결합 단백질을 발현하는 숙주 세포 (즉, 그러한 결합 단백질을 형성하는 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 핵산 분자 또는 벡터를 포함함)를 제공한다.

[0414] 본원에서 사용되는 바와 같이, “스와프 능력(swapability)"이라는 용어는 결합 단백질 포맷 내에서의 가변 도메인들의 호환성(interchangeability)을 나타내며, 이때 폴딩 및 궁극적 결합 친화도는 유지된다. "전 스와프 능력(full swapability)”은 화학식 I의 폴리펩티드 사슬 또는 화학식 II의 폴리펩티드 사슬에서, 결합 친화도의 유지에 의해 입증되는 바와 같이 결합 단백질의 전 기능성(full functionality)을 유지하면서, V_{H1} 및 V_{H2} 도메인 둘 다의 순서, 및 그에 따라 V_{L1} 및 V_{L2} 도메인의 순서를 스와프하는 (즉, 상기 순서가 반대가 되도록) 능력을 나타낸다. 더욱이, V_H 및 V_L이라는 표기는 최종 포맷의 특정 단백질 사슬 상에서의 상기 도메인의 위치만을 나타낸다는 것이 주지되어야 한다. 예를 들어, V_{H1} 및 V_{H2}는 모 항체에서의 V_{L1} 및 V_{L2} 도메인으로부터 유래되고 결합 단백질에서의 V_{H1} 및 V_{H2} 위치에 두어질 수 있다. 이와 마찬가지로, V_{L1} 및 V_{L2}는 모 항체에서의 V_{H1} 및 V_{H2} 도메인으로부터 유래되고 결합 단백질에서의 V_{H1} 및 V_{H2} 위치에 두어질 수 있다. 따라서, V_H 및 V_L이라는 표기는 현재의 위치를 나타내며, 모 항체에서의 원래의 위치를 나타내는 것이 아니다. 따라서 V_H 및 V_L 도메인은 “스와프가능하다”.

[0415] 본원에서 사용되는 바와 같이, "항원" 또는 "표적 항원" 또는 "항원 표적"이라는 용어는 결합 단백질이 결합할 수 있고, 추가로, 동물에서 사용되어 그 항원의 에피토프에 결합할 수 있는 항체를 생성할 수 있는 분자 또는 분자의 일부분을 나타낸다. 표적 항원은 하나 이상의 에피토프를 가질 수 있다. 결합 단백질에 의해 인식되는 각각의 표적 항원과 관련하여, 결합 단백질은 표적 항원을 인식하는 온전한 항체와 경쟁할 수 있다.

[0416] 본원에서 사용되는 바와 같이, "HIV”라는 용어는 인간 면역결핍 바이러스를 의미한다. 본원에서 사용되는 바와 같이, “HIV 감염”이라는 용어는 일반적으로 숙주, 특히 인간 숙주가 HIV I, HIV II, HIV III (HTLV-II, LAV-1, LAV-2로도 공지됨)을 포함하지만 이에 한정되는 것은 아닌 인간 면역결핍 바이러스 (HIV) 패밀리의 레트로바이러스에 의해 감염되는 것을 포함한다. HIV는 본원에서 HIV 패밀리의 임의의 주(strain), 형태, 아류형(subtype), 클레이드(clade) 및 변이형을 나타내기 위하여 사용될 수 있다. 따라서, HIV 감염의 치료는 임의의 HIV 패밀리의 레트로바이러스의 보균자인 사람 또는 활동성 에이즈로 진단된 사람의 치료와, 그러한 사람에서의 에이즈-관련 병태의 치료 또는 예방을 포함한다.

[0417] 본원에서 사용되는 바와 같이, “에이즈”라는 용어는 후천성 면역결핍 증후군(Acquired Immunodeficiency Syndrome)을 의미한다. 에이즈는 HIV에 의해 야기된다.

[0418] "CD4bs" 또는 "CD4 결합 부위"라는 용어는 CD4 (분화 클러스터 4(cluster of differentiation 4))에 대한 결합 부위를 나타내는데, 상기 CD4는 면역 세포, 예컨대 T 헬퍼 세포, 단핵구, 대식세포, 및 수지상 세포의 표면 상에서 발견되는 당단백질이다.

[0419] "CD3”은 분화 인자 클러스터 3(cluster of differentiation factor 3) 폴리펩티드이며, 전형적으로 T 세포 수용체(TCR) 복합체의 일부인 T-세포 표면 단백질이다.

[0420] "CD28"은 분화 클러스터 28(cluster of differentiation) 28 폴리펩티드이며, T-세포의 활성화 및 생존에 대한 동시 자극 신호(co-stimulatory signal)를 제공하는 T-세포 표면 단백질이다.

[0421] "당단백질 160" 또는 "gp160 단백질"이라는 용어는 HIV의 엔벨로프(envelope) 당단백질 복합체를 나타내며, gp120 및 gp41 서브유닛으로 절단되는 동종삼량체(homotrimer)이다.

[0422] "MPER"이라는 용어는 HIV를 포함하는 레트로바이러스의 엔벨로프 단백질 복합체의 서브유닛인 당단백질 41 (gp41)의 막-근위 외부 영역을 나타낸다.

[0423] “글리칸”이라는 용어는 글리코콘쥬게이트(glycoconjugate), 예컨대 당단백질, 당지질, 또는 프로테오글리칸의 탄수화물 부분을 나타낸다. 개시된 결합 단백질에서, 글리칸은 HIV-1 엔벨로프 당단백질 gp120을 나타낸다.

[0424] "T-세포 관여항체"라는 용어는 HIV 표적 단백질에 대하여 유도된 결합 단백질뿐만 아니라 숙주의 면역계, 더 구체적으로 T 세포의 세포독성 활성에 대하여 유도된 결합 단백질도 나타낸다.

[0425] “삼량체 정상부(apex)"라는 용어는 HIV-1 엔벨로프 당단백질 gp120의 정상부를 나타낸다.

[0426] "1특이성 결합 단백질"이라는 용어는 하나의 항원 표적에 특이적으로 결합하는 결합 단백질을 나타낸다.

[0427] "1가 결합 단백질"이라는 용어는 하나의 항원 결합 부위를 갖는 결합 단백질을 나타낸다.

[0428] "2특이성 결합 단백질"이라는 용어는 2개의 상이한 항원 표적에 특이적으로 결합하는 결합 단백질을 나타낸다.

[0429] "2가 결합 단백질"이라는 용어는 2개의 결합 부위를 갖는 결합 단백질을 나타낸다.

[0430] "3특이성 결합 단백질"이라는 용어는 3개의 상이한 항원 표적에 특이적으로 결합하는 결합 단백질을 나타낸다.

[0431] "3가 결합 단백질"이라는 용어는 3개의 결합 부위를 갖는 결합 단백질을 나타낸다. 특정 실시 양태에서, 3가 결합 단백질은 하나의 항원 표적에 결합할 수 있다. 다른 실시 양태에서, 3가 결합 단백질은 2개의 항원 표적에 결합할 수 있다. 다른 실시 양태에서, 3가 결합 단백질은 3개의 항원 표적에 결합할 수 있다.

[0432] “단리된” 결합 단백질은 그의 천연 환경의 성분으로부터 확인되고 분리된 및/또는 회수된 것이다. 그의 천연 환경의 오염 성분은 결합 단백질의 진단적 또는 치료적 사용을 간섭하는 물질이며, 이는 효소, 호르몬, 및 기타 단백질성 또는 비-단백질성 용질을 포함할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 (1) 로우리법(Lowry method)에 의해 결정할 경우 95 중량% 초과의, 그리고 가장 바람직하게는 99 중량% 초과의 항체까지, (2) 회전 컵 서열 분석기(spinning cup sequenator)의 사용에 의해 N-말단 또는 내부 아미노산 서열의 적어도 15개의 잔기를 얻기에 충분한 정도까지, 또는 (3) 쿠마시 블루(Coomassie blue), 또는 바람직하게는 은 염색제를 이용한 환원 또는 비환원 조건 하에서의 SDS-PAGE에 의한 균질성까지 정제될 것이다. 결합 단백질의 천연 환경의 적어도 하나의 성분이 존재하지 않을 것이기 때문에 단리된 결합 단백질은 재조합 세포 내에서의 원위치에서의 결합 단백질을 포함한다.

[0433] 본원에서 사용되는 바와 같이, “실질적으로 순수한” 또는 “실질적으로 정제된”이라는 용어는 존재하는 주된 종인 종 또는 화합물을 나타낸다 (즉, 몰 기준으로, 이것은 조성물 중의 임의의 다른 개별 종보다 더 풍부하다). 일부 실시 양태에서, 실질적으로 정제된 분획물은 당해 종이 존재하는 모든 거대분자 종의 적어도 약 50% (몰 기준으로)로 포함된 조성물이다. 다른 실시 양태에서, 실질적으로 순수한 조성물은 조성물에 존재하는 모든 마크로몰(macromolar) 종의 약 80%, 85%, 90%, 95%, 또는 99% 초과를 포함할 것이다. 또 다른 실시 양태에서, 종은 필수적인 균질성까지 정제되며 (오염 종은 통상적인 검출 방법에 의해서는 조성물에서 검출될 수 없음), 여기서, 조성물은 본질적으로 단일 거대분자 종으로 이루어진다.

[0434] 본원에서 사용되는 바와 같이, "중화" 결합 단백질은 이것이 결합하는 표적 항원의 이펙터 기능을 차단할 수 있거나 상당히 감소시킬 수 있는 분자를 나타낸다. 본원에서 사용되는 바와 같이, "상당히 감소시키다”는 표적 항원의 이펙터 기능의 적어도 약 60%, 바람직하게는 적어도 약 70%, 더 바람직하게는 적어도 약 75%, 더욱 더 바람직하게는 적어도 약 80%, 훨씬 더 바람직하게는 적어도 약 85%, 가장 바람직하게는 적어도 약 90% 감소를 의미한다.

[0435] "에피토프"라는 용어는 면역글로불린 또는 T-세포 수용체에 특이적으로 결합할 수 있는 임의의 결정자, 바람직하게는 폴리펩티드 결정자를 포함한다. 특정 실시 양태에서, 에피토프 결정자는 아미노산, 당 측쇄, 포스포릴기, 또는 술포닐기와 같은 분자의 화학적 활성 표면 그루핑(grouping)을 포함하며, 특정 실시 양태에서, 특이적인 3-차원 구조 특성, 및/또는 특이적인 전하 특성을 가질 수 있다. 에피토프는 항체 또는 결합 단백질이 결합하는 항원의 영역이다. 특정 실시 양태에서, 결합 단백질은, 단백질들 및/또는 거대분자들의 복합 혼합물 중 그의 표적 항원을 우선적으로 인식할 때 항원에 특이적으로 결합한다고 한다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 평형 해리 상수가 ≤ 10^{-8} M일 때, 더 바람직하게는 평형 해리 상수가 ≤ 10^{-9} M일 때, 그리고 가장 바람직하게는 상기 해리 상수가 ≤ 10^{-10} M일 때 항원에 특이적으로 결합한다고 한다.

[0436] 결합 단백질의 해리 상수 (K_D)는, 예를 들어 표면 플라스몬 공명에 의해 결정될 수 있다. 일반적으로, 표면 플라스몬 공명 분석에서는 비아코어 시스템 (파마시아 바이오센서(Pharmacia Biosensor); 미국 뉴저지주 피스카타웨이 소재)을 이용하여 표면 플라스몬 공명 (SPR)에 의해 리간드 (바이오센서 매트릭스 상의 표적 항원)와 피분석물 (용액 중 결합 단백질) 사이의 실시간 결합 상호작용이 측정된다. 표면 플라스몬 분석은 또한 피분석물 (바이오센서 매트릭스 상의 결합 단백질)의 고정 및 리간드 (표적 항원)의 제시에 의해 수행될 수 있다. 본원에서 사용되는 바와 같이, "K_D” 라는 용어는 특정 결합 단백질과 표적 항원 사이의 상호작용의 해리 상수를 나타낸다.

[0437] 본원에서 사용되는 바와 같이, "특이적으로 결합하다"라는 용어는 적어도 약 1 x 10^{-6} M, 1 x 10^{-7} M, 1 x 10^{-8}

M, 1 x 10^{-9} M, 1 x 10^{-10} M, 1 x 10^{-11} M, 1 x 10^{-12} M의, 또는 이보다 더 큰 Kd로 에피토프 함유 항원에 결합하고/하거나, 비특이적 항원에 대한 친화성보다 적어도 2배 더 큰 친화성으로 에피토프에 결합하는 결합 단백질 또는 이의 항원-결합 단편의 능력을 나타낸다.

[0438] 본원에서 사용되는 바와 같이, "링커"라는 용어는 교차 이중 가변 영역 면역글로불린으로 폴딩되기에 충분한 이동성을 경쇄 및 중쇄의 도메인에 제공하도록 면역글로불린 도메인들 사이에 삽입되는 하나 이상의 아미노산 잔기를 나타낸다. 링커는 서열 수준에서 각각 가변 도메인들 사이 또는 가변 도메인과 불변 도메인 사이의 전환부(transition)에 삽입된다. 면역글로불린 도메인의 적절한 크기가 잘 이해되어 있기 때문에, 도메인들 사이의 전환부가 확인될 수 있다. 도메인 전환부의 정확한 위치는, 실험 데이터에 의해 입증되는 바와 같이 또는 2차 구조 예측 또는 모델링 기술에 의해 추정될 수 있는 바와 같이, 베타-시트(sheet) 또는 알파-나선과 같은 2차 구조의 요소를 형성하지 않는 펩티드 스트레치(stretch)의 위치화에 의해 결정될 수 있다. 본원에 기술된 링커는 V_{L2}의 C-말단과 V_{L1} 도메인의 N-말단 사이의 경쇄에 위치하는 L_1; 및 V_{L1}의 C-말단과 C_L 도메인의 N-말단 사이의 경쇄에 위치하는 L_2로 칭해진다. 중쇄 링커는 V_{H1}의 C-말단과 V_{H2} 도메인의 N-말단 사이에 위치하는 L_3; 및 V_{H2}의 C-말단과 C_{H1} 도메인의 N-말단 사이에 위치하는 L_4로 공지되어 있다.

[0439] 본원에서 사용되는 바와 같이, "벡터"라는 용어는 코딩 정보를 숙주 세포에게 전하는 데 사용되는 임의의 분자(예를 들어, 핵산, 플라스미드, 또는 바이러스)를 나타낸다. "벡터"라는 용어는 이것이 연결된 또 다른 핵산을 수송할 수 있는 핵산 분자를 포함한다. 하나의 유형의 벡터로는 "플라스미드"가 있으며, 이는 추가의 DNA 절편이 삽입될 수 있는 원형 이중 가닥 DNA 분자를 나타낸다. 또 다른 유형의 벡터로는 바이러스 벡터가 있으며, 여기서, 추가의 DNA 절편이 바이러스 게놈 내로 삽입될 수 있다. 특정 벡터 (예를 들어, 박테리아 복제 원점을 가지는 박테리아 벡터 및 에피솜 포유류 벡터)는 그들이 도입되는 숙주 세포에서 자율 복제가 가능하다. 기타 벡터 (예를 들어, 비-에피솜 포유류 벡터)는 숙주 세포 내로의 도입시에 숙주 세포의 게놈 내로 통합될 수 있으며, 그에 의해, 숙주 게놈과 함께 복제된다. 더욱이, 특정 벡터는 그들이 작동되게 연결된 유전자의 발현을 유도할 수 있다. 이러한 벡터는 본원에서 "재조합 발현 벡터" (또는 간단히 "발현 벡터")로 지칭된다. 일반적으로, 재조합 DNA 기술에 유용한 발현 벡터는 종종 플라스미드의 형태로 존재한다. "플라스미드" 및 "벡터"라는 용어는 본원에서 상호교환가능하게 사용될 수 있으며, 그 이유는 플라스미드가 가장 일반적으로 사용되는 형태의 벡터이기 때문이다. 그러나, 본 발명은, 동등한 기능을 수행하는 바이러스 벡터 (예를 들어, 복제 결함 레트로바이러스, 아데노바이러스 및 아데노-부속 바이러스)와 같은 다른 형태의 발현 벡터들도 포함하는 것으로 의도된다.

[0440] 본원에서 사용되는 바와 같이, "재조합 숙주 세포" (또는 "숙주 세포")라는 어구는 재조합 발현 벡터가 도입된 세포를 나타낸다. 재조합 숙주 세포 또는 숙주 세포는 특정한 해당 세포뿐만 아니라 그러한 세포의 자손도 나타내고자 한다. 특정 변형이 돌연변이 또는 환경적 영향으로 인하여 후속 세대에서 발생할 수 있기 때문에, 이러한 자손은 사실상 모 세포와 동일하지 않을 수 있지만, 그러한 세포는 여전히 본원에서 사용되는 용어 "숙주 세포"의 범주 내에 포함된다. 박테리아, 효모, 바큘로바이러스 및 포유류 발현 시스템 (이외에도, 파지 디스플레이(phage display) 발현 시스템)을 포함하는 매우 다양한 숙주 세포 발현 시스템을 사용하여 결합 단백질을 발현시킬 수 있다. 적합한 박테리아 발현 벡터의 예로는 pUC19가 있다. 결합 단백질을 재조합적으로 발현시키기 위하여, 숙주 세포는 결합 단백질의 폴리펩티드 사슬이 숙주 세포 내에서 발현되도록, 그리고 바람직하게는 숙주 세포가 배양되는 배지 내로 분비되도록, 상기 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 DNA 단편을 갖는 하나 이상의 재조합 발현 벡터로 형질전환되거나 트랜스펙션(transfection)되는데, 상기 배지로부터 결합 단백질이 회수될 수 있다.

[0441] 본원에서 사용되는 바와 같이, "형질전환"이라는 용어는 세포의 유전적 특징의 변화를 나타내며, 세포는 새로운 DNA를 함유하도록 변형되었을 때 형질전환된 것이다. 예를 들어, 세포는 그의 천연 상태로부터 유전적으로 변형되었을 경우 형질전환된 것이다. 형질전환 후, 형질전환 DNA는 세포의 염색체 내로의 물리적 통합에 의해 세포의 DNA와 재조합될 수 있거나, 또는 복제되지 않고서 에피솜 요소로서 일시적으로 유지될 수 있거나, 또는 독립적으로 플라스미드로서 복제될 수 있다. 세포는 DNA가 세포 분열에 의해 복제될 때 안정하게 형질전환된 것으로 간주된다. "트랜스펙션"이라는 용어는 세포에 의한 외래 또는 외인성 DNA의 흡수를 나타내며, 외인성 DNA가 세포막 내부로 도입된 경우에 세포는 "트랜스펙션"된 것이다. 다수의 트랜스펙션 기술이 본 기술 분야에 잘 알려져 있다. 그러한 기술은 하나 이상의 외인성 DNA 분자를 적합한 숙주 내로 도입하는 데 사용될 수 있다.

[0442] 본원에서 사용되고 대상에게 적용되는 바와 같이, "천연 발생"이라는 용어는 그 대상이 자연에서 발견될 수 있고 사람에 의해 조작되지 않은 사실을 나타낸다. 예를 들어, 자연에서 공급원으로부터 단리될 수 있고 사람에

의해 의도적으로 변형된 것이 아닌 유기체 (바이러스를 포함함)에 존재하는 폴리뉴클레오티드 또는 폴리펩티드는 천연 발생적인 것이다. 이와 유사하게, 본원에서 사용되는 바와 같이, "천연 비-발생"은 자연에서 발견되지 않거나 또는 사람에 의해 구조적으로 변형되거나 합성된 대상을 나타낸다.

[0443] 본원에서 사용되는 바와 같이, 20가지의 통상적인 아미노산 및 그의 약어는 통상적인 용법을 따른다. 20가지의 통상적인 아미노산의 입체이성질체 (예를 들어, D-아미노산); 비천연 아미노산 및 유사체, 예컨대 α-, α-2치환 아미노산, N-알킬 아미노산, 락트산, 및 다른 비통상적인 아미노산이 또한 결합 단백질의 폴리펩티드 사슬에 적합한 성분일 수 있다. 비통상적인 아미노산의 예는 다음을 포함한다: 4-히드록시프롤린, γ-카르복시글루타메이트, ε-N,N,N-트리메틸라이신, ε-N-아세틸라이신, O-포스포세린, N-아세틸세린, N-포르밀메티오닌, 3-메틸히스티딘, 5-히드록시라이신, σ-N-메틸아르기닌, 및 기타 유사 아미노산 및 이미노산 (예를 들어, 4-히드록시프롤린). 본원에서 사용되는 폴리펩티드 표기법에서, 표준 용법 및 관례에 따르면 왼손 방향은 아미노 말단 방향이며, 오른손 방향은 카르복실 말단 방향이다.

[0444] 천연 발생 잔기는 통상적인 측쇄 특성에 따라 다음 부류로 분류될 수 있다:

[0445] (1) 소수성: Met, Ala, Val, Leu, Ile, Phe, Trp, Tyr, Pro;

[0446] (2) 극성 친수성: Arg, Asn, Asp, Gln, Glu, His, Lys, Ser, Thr;

[0447] (3) 지방족: Ala, Gly, Ile, Leu, Val, Pro;

[0448] (4) 지방족 소수성: Ala, Ile, Leu, Val, Pro;

[0449] (5) 중성 친수성: Cys, Ser, Thr, Asn, Gln;

[0450] (6) 산성: Asp, Glu;

[0451] (7) 염기성: His, Lys, Arg;

[0452] (8) 사슬 배향에 영향을 주는 잔기: Gly, Pro;

[0453] (9) 방향족: His, Trp, Tyr, Phe; 및

[0454] (10) 방향족 소수성: Phe, Trp, Tyr.

[0455] 보존적 아미노산 치환은 이들 부류 중 하나의 구성원을 동일 부류의 또 다른 구성원으로 대체하는 것을 포함할 수 있다. 비보존적 치환은 이러한 부류 중 하나의 구성원을 또 다른 부류로부터의 구성원으로 대체하는 것을 포함할 수 있다.

[0456] 당업자라면 잘 알려진 기술을 이용하여 결합 단백질의 폴리펩티드 사슬의 적합한 변이체를 결정할 수 있을 것이다. 예를 들어, 당업자라면 활성에 중요할 것으로는 생각되지 않는 영역의 표적화에 의해 활성을 파괴하지 않고서 변화될 수 있는 폴리펩티드 사슬의 적합한 영역을 확인할 수 있다. 대안적으로, 당업자라면 유사 폴리펩티드들 사이에서 보존된 분자의 잔기 및 부분을 확인할 수 있다. 게다가, 심지어 생물학적 활성에 또는 구조에 중요할 수 있는 영역도 생물학적 활성을 파괴하지 않고서 또는 폴리펩티드 구조에 악영향을 주지 않고서 보존적 아미노산 치환이 가해질 수 있다.

[0457] 본원에서 사용되는 바와 같이, "환자"라는 용어는 인간 및 동물 대상체를 포함한다.

[0458] 본원에서 사용되는 바와 같이, "치료" 또는 "치료하다"라는 용어는 치료적 치료 및 예방적 또는 방지적 조치 둘 다를 나타낸다. 치료를 필요로 하는 것은 장애를 갖고 있는 것과, 장애를 갖기 쉬운 것 또는 장애가 예방되어야 하는 것을 포함한다. 특정 실시 양태에서, 결합 단백질은 HIV로 감염된 인간, 또는 HIV 감염에 민감한 인간을 치료하거나, HIV로 감염된 인간 대상체에서 HIV 감염을 개선시키는 데 사용될 수 있다. 결합 단백질은 또한 인간 환자에 있어서 HIV를 예방하는 데 사용될 수 있다.

[0459] HIV로 감염된 인간의 치료는 예를 들어 급성 일차 감염 증후군 (이는 무증상이거나, 발열, 권태감, 설사 및 신경학적 증상, 예컨대 두통을 동반한 인플루엔자-유사 질병과 연관될 수 있음), 무증상 감염 (이는 긴 잠복 기간이며, 이때 순환 $CD4^+$ T 세포의 수는 점진적으로 감소함), 및 에이즈 (이는 더 심각한 에이즈-정의 질병에 의해 및/또는 효과적인 면역 기능과 양립가능한 수준보다 더 낮은 수준까지의 순환 CD4 세포 계수치의 감소에 의해 정의됨)를 포함하는 HIV 감염 진행의 몇몇 병기들 중 어느 하나에 있는 대상체를 포함함이 이해되어야 한다. 게다가, HIV 감염의 치료 또는 예방은 또한 예를 들어 HIV-오염 혈액과의 접촉, 수혈, 체액 교환, 감염된 사람과

의 “안전하지 않은” 섹스, 우연한 니들 스틱(needle stick), 오염된 기구를 이용한 문신 또는 침술을 받는 것, 또는 임신, 분만 또는 그 직후 상기 바이러스의 모자 전염에 의한 의심되는 HIV에의 사후 노출 후 의심되는 HIV 감염을 치료하는 것을 포함할 것이다.

[0460] 본원에서 사용되는 바와 같이, “제약 조성물” 또는 “치료적 조성물"은 환자에게 적절하게 투여되는 경우, 원하는 치료 효과를 유도할 수 있는 화합물 또는 조성물을 나타낸다.

[0461] 본원에서 사용되는 바와 같이, “제약상 허용가능한 담체” 또는 “생리학적으로 허용가능한 담체”라는 용어는 결합 단백질의 전달을 성취하거나 향상시키기에 적합한 하나 이상의 제형화 물질을 나타낸다.

[0462] 하나 이상의 결합 단백질을 포함하는 제약 조성물과 관련하여 사용될 때 “유효량” 및 “치료적 유효량”이라는 용어는 원하는 치료 결과를 생성하기에 충분한 양 또는 투여량을 나타낸다. 더 구체적으로, 치료적 유효량은 치료되는 병태와 연관된 임상적으로 정의된 병리학적인 과정들 중 하나 이상을 일부 시간 기간 동안 저해하기에 충분한 결합 단백질의 양이다. 유효량은 사용되고 있는 특정 결합 단백질에 따라 달라질 수 있으며, 또한 치료되는 환자와 관련된 다양한 요인 및 상태와 장애의 중증도에 달려 있다. 예를 들어, 결합 단백질을 생체 내에서 투여하려고 할 경우, 환자의 연령, 중량 및 건강과 같은 요인과, 전임상 동물 연구에서 얻어진 용량 반응 곡선 및 독성 데이터가 고려되는 요인에 속한다. 주어진 제약 조성물의 유효량 또는 치료적 용량의 결정은 충분히 당업자의 능력 내에 있다.

[0463] 본 발명의 일 실시 양태는 제약상 허용가능한 담체 및 치료적 유효량의 결합 단백질을 포함하는 제약 조성물을 제공한다.

[0464] **3특이성 및/또는 3가 결합 단백질**

[0465] 일 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 하나 이상의 (예를 들어, 3가지의 상이한) HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질이며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0466] [화학식 I]

[0467] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0468] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0469] [화학식 II]

[0470] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0471] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0472] [화학식 III]

[0473] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0474] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0475] [화학식 IV]

[0476] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0477] 상기 식에서,

[0478] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0479] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0480] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0481] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0482] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0483] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0484] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0485] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0486] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0487] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0488] 일 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 하나 이상의 (예를 들어, 3가지의 상이한) HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질이며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0489] [화학식 I]

[0490] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0491] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0492] [화학식 II]

[0493] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0494] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0495] [화학식 III]

[0496] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0497] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0498] [화학식 IV]

[0499] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0500] 상기 식에서,

[0501] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0502] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0503] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0504] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0505] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0506] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0507] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0508] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0509] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[0510] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[0511] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[0512] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0513] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0514] 일부 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬 및 제2 폴리펩티드 사슬은 2개의 특유한 항원 결합 부위를 형성하는 교차 배향을 갖는다. 일부 실시 양태에서, V_{H1} 및 V_{L1}은 결합 쌍을 형성하며, 제1 항원 결합 부위를 형성한다. 일부 실시 양태에서, V_{H2} 및 V_{L2}는 결합 쌍을 형성하며, 제2 항원 결합 부위를 형성한다. 일부 실시 양태에서, 제3 폴리펩티드 및 제4 폴리펩티드는 제3 항원 결합 부위를 형성한다. 일부 실시 양태에서, V_{H3} 및 V_{L3}은 결합 쌍을 형성하며, 제3 항원 결합 부위를 형성한다.

[0515] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 2, 4, 10, 12, 18, 20, 26, 28, 34, 36, 42, 44, 50, 52, 58, 60, 66, 68, 74, 76, 82, 84, 90, 92, 98, 100, 106, 108, 114, 116, 122, 124, 130, 132, 138, 140, 146, 148, 154, 156, 162, 164, 170, 172, 178, 180, 186, 188, 194, 196, 202, 204, 210,212, 218, 220, 226, 228, 233, 235, 241, 243 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이며; V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 1, 3, 9, 11, 17, 10, 25, 27, 33, 35, 41, 43, 49, 51, 57, 59, 65, 67, 73, 75, 81, 83, 89, 91, 97, 99, 105, 107, 113, 115, 121, 123, 129, 131, 137, 139, 145, 147, 153, 155, 161, 163, 169, 171, 177, 179, 185, 187, 193, 195, 201, 203, 209, 211, 217, 219, 225, 227, 232, 234, 240, 242 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이다. 다른 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 283 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며; V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 265 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 경쇄 가변 도메인 서열의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 경쇄 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 중쇄 가변 도메인 서열의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 중쇄 가변 도메인이다.

[0516] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 303, 305, 311, 313, 319, 321, 327, 329, 335, 337, 343, 345, 351, 353, 359, 361, 367, 369, 375, 377, 383, 385, 391, 393, 399, 401, 407, 409, 415, 417, 423, 425, 431, 433, 439, 441, 447, 449, 455, 457, 463, 465, 471, 473 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이며; V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 302, 304, 310, 312, 318, 320, 326, 328, 334, 336, 342, 344, 350, 352, 358, 360, 366, 368, 374, 376, 382, 384, 390, 392, 398, 400, 406, 408, 414, 416, 422, 424, 430, 432, 438, 440, 446, 448, 454, 456, 462, 464, 470, 472 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이다. 다른 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 271, 275 내지 277, 488 내지 496 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며; V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 253, 257 내지 259, 479 내지 487 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함한다.

[0517] 특정 실시 양태에서, 화학식 I의 폴리펩티드 사슬 또는 화학식 II의 폴리펩티드 사슬에서 V_{H1} 및 V_{H2} 도메인의 순서, 및 그에 따라 V_{L1} 및 V_{L2} 도메인의 순서는 스와프된다 (즉, 상기 순서가 반대가 되도록).

[0518] 일부 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 4의 아미노산 서열 또는 서열 번호 4의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 3의 아미노산 서열 또는 서열 번호 3의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 1의 아미노산 서열 또는 서열 번호 1의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드

사슬은 서열 번호 2의 아미노산 서열 또는 서열 번호 2의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0519] 일부 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 12의 아미노산 서열 또는 서열 번호 12의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 11의 아미노산 서열 또는 서열 번호 11의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 9의 아미노산 서열 또는 서열 번호 9의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 10의 아미노산 서열 또는 서열 번호 10의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0520] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 20의 아미노산 서열 또는 서열 번호 20의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 19의 아미노산 서열 또는 서열 번호 19의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 17의 아미노산 서열 또는 서열 번호 17의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 18의 아미노산 서열 또는 서열 번호 18의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0521] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 28의 아미노산 서열 또는 서열 번호 28의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 27의 아미노산 서열 또는 서열 번호 27의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 25의 아미노산 서열 또는 서열 번호 25의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 26의 아미노산 서열 또는 서열 번호 26의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0522] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 36의 아미노산 서열 또는 서열 번호 36의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 35의 아미노산 서열 또는 서열 번호 35의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 33의 아미노산 서열 또는 서열 번호 33의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 34의 아미노산 서열 또는 서열 번호 34의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0523] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 44의 아미노산 서열 또는 서열 번호 44의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 43의 아미노산 서열 또는 서열 번호 43의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 41의 아미노산 서열 또는 서열 번호 41의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 42의 아미노산 서열 또는 서열 번호 42의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0524] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 52의 아미노산 서열 또는 서열 번호 52의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 51의 아미노산 서열 또는 서열 번호 51의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 49의 아미노산 서열 또는 서열 번호 49의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 50의 아미노산 서열 또는 서열 번호 50의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0525] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 60의 아미노산 서열 또는 서열 번호 60의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 59의 아미노산 서열 또는 서열 번호 59의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 57의 아미노산 서열 또는 서열 번호 57의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 58의 아미노산 서열 또는 서열 번호 58의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0526] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 68의 아미노산 서열 또는 서열 번호 68의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 67의 아미노산 서열 또는 서열 번호 67의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호

65의 아미노산 서열 또는 서열 번호 65의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 66의 아미노산 서열 또는 서열 번호 66의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0527] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 76의 아미노산 서열 또는 서열 번호 76의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 75의 아미노산 서열 또는 서열 번호 75의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 73의 아미노산 서열 또는 서열 번호 73의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 74의 아미노산 서열 또는 서열 번호 74의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0528] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 84의 아미노산 서열 또는 서열 번호 84의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 83의 아미노산 서열 또는 서열 번호 83의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 81의 아미노산 서열 또는 서열 번호 81의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 82의 아미노산 서열 또는 서열 번호 82의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0529] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 92의 아미노산 서열 또는 서열 번호 92의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 91의 아미노산 서열 또는 서열 번호 91의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 89의 아미노산 서열 또는 서열 번호 89의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 90의 아미노산 서열 또는 서열 번호 90의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0530] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 100의 아미노산 서열 또는 서열 번호 100의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 99의 아미노산 서열 또는 서열 번호 99의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 97의 아미노산 서열 또는 서열 번호 97의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 98의 아미노산 서열 또는 서열 번호 98의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0531] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드는 서열 번호 108의 아미노산 서열 또는 서열 번호 108의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 107의 아미노산 서열 또는 서열 번호 107의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 105의 아미노산 서열 또는 서열 번호 105의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 106의 아미노산 서열 또는 서열 번호 106의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0532] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 116의 아미노산 서열 또는 서열 번호 116의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 115의 아미노산 서열 또는 서열 번호 115의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 113의 아미노산 서열 또는 서열 번호 113의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 114의 아미노산 서열 또는 서열 번호 114의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0533] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 124의 아미노산 서열 또는 서열 번호 124의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 123의 아미노산 서열 또는 서열 번호 123의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 121의 아미노산 서열 또는 서열 번호 121의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 122의 아미노산 서열 또는 서열 번호 122의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0534] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 132의 아미노산 서열 또는 서열 번호 132의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 131의 아미노산 서열 또는

서열 번호 131의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 129의 아미노산 서열 또는 서열 번호 129의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 130의 아미노산 서열 또는 서열 번호 130의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0535] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 140의 아미노산 서열 또는 서열 번호 140의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 139의 아미노산 서열 또는 서열 번호 139의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 137의 아미노산 서열 또는 서열 번호 137의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 138의 아미노산 서열 또는 서열 번호 138의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0536] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 148의 아미노산 서열 또는 서열 번호 148의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 147의 아미노산 서열 또는 서열 번호 147의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 145의 아미노산 서열 또는 서열 번호 145의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 146의 아미노산 서열 또는 서열 번호 146의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0537] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 156의 아미노산 서열 또는 서열 번호 156의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 155의 아미노산 서열 또는 서열 번호 155의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 153의 아미노산 서열 또는 서열 번호 153의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 154의 아미노산 서열 또는 서열 번호 154의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0538] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 164의 아미노산 서열 또는 서열 번호 164의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 163의 아미노산 서열 또는 서열 번호 163의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 161의 아미노산 서열 또는 서열 번호 161의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 162의 아미노산 서열 또는 서열 번호 162의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0539] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 172의 아미노산 서열 또는 서열 번호 172의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 171의 아미노산 서열 또는 서열 번호 171의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 169의 아미노산 서열 또는 서열 번호 169의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 170의 아미노산 서열 또는 서열 번호 170의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0540] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 180의 아미노산 서열 또는 서열 번호 180의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 179의 아미노산 서열 또는 서열 번호 179의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 177의 아미노산 서열 또는 서열 번호 177의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 178의 아미노산 서열 또는 서열 번호 178의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0541] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 188의 아미노산 서열 또는 서열 번호 188의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 187의 아미노산 서열 또는 서열 번호 187의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 185의 아미노산 서열 또는 서열 번호 185의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 186의 아미노산 서열 또는 서열 번호 186의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0542] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 196의 아미노산 서열 또는 서열 번호 196의 아미노산 서

열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 195의 아미노산 서열 또는 서열 번호 195의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 193의 아미노산 서열 또는 서열 번호 193의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 194의 아미노산 서열 또는 서열 번호 194의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0543] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 204의 아미노산 서열 또는 서열 번호 204의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 203의 아미노산 서열 또는 서열 번호 203의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 201의 아미노산 서열 또는 서열 번호 201의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 202의 아미노산 서열 또는 서열 번호 202의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0544] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 212의 아미노산 서열 또는 서열 번호 212의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 211의 아미노산 서열 또는 서열 번호 211의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 209의 아미노산 서열 또는 서열 번호 209의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 210의 아미노산 서열 또는 서열 번호 210의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0545] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 220의 아미노산 서열 또는 서열 번호 220의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 219의 아미노산 서열 또는 서열 번호 219의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 217의 아미노산 서열 또는 서열 번호 217의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 218의 아미노산 서열 또는 서열 번호 218의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0546] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 228의 아미노산 서열 또는 서열 번호 228의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 227의 아미노산 서열 또는 서열 번호 227의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 225의 아미노산 서열 또는 서열 번호 225의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 226의 아미노산 서열 또는 서열 번호 226의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0547] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 235의 아미노산 서열 또는 서열 번호 235의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 234의 아미노산 서열 또는 서열 번호 234의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 232의 아미노산 서열 또는 서열 번호 232의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 233의 아미노산 서열 또는 서열 번호 233의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0548] 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 243의 아미노산 서열 또는 서열 번호 243의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 242의 아미노산 서열 또는 서열 번호 242의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 240의 아미노산 서열 또는 서열 번호 240의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 241의 아미노산 서열 또는 서열 번호 241의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0549] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 305의 아미노산 서열 또는 서열 번호 305의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 304의 아미노산 서열 또는 서열 번호 304의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 302의 아미노산 서열 또는 서열 번호 302의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 303의 아미노산 서열 또는 서열 번호 303의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0550] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 313의 아미노산 서열 또는 서열 번호 313의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 312의 아미노산 서열 또는 서열 번호 312의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 310의 아미노산 서열 또는 서열 번호 310의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 311의 아미노산 서열 또는 서열 번호 311의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0551] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 321의 아미노산 서열 또는 서열 번호 321의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 320의 아미노산 서열 또는 서열 번호 320의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 318의 아미노산 서열 또는 서열 번호 318의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 319의 아미노산 서열 또는 서열 번호 319의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0552] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 329의 아미노산 서열 또는 서열 번호 329의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 328의 아미노산 서열 또는 서열 번호 328의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 326의 아미노산 서열 또는 서열 번호 326의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 327의 아미노산 서열 또는 서열 번호 327의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0553] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 337의 아미노산 서열 또는 서열 번호 337의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 336의 아미노산 서열 또는 서열 번호 336의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 334의 아미노산 서열 또는 서열 번호 334의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 335의 아미노산 서열 또는 서열 번호 335의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0554] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 345의 아미노산 서열 또는 서열 번호 345의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 344의 아미노산 서열 또는 서열 번호 344의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 342의 아미노산 서열 또는 서열 번호 342의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 343의 아미노산 서열 또는 서열 번호 343의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0555] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 353의 아미노산 서열 또는 서열 번호 353의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 352의 아미노산 서열 또는 서열 번호 352의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 350의 아미노산 서열 또는 서열 번호 350의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 351의 아미노산 서열 또는 서열 번호 351의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0556] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 361의 아미노산 서열 또는 서열 번호 361의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 360의 아미노산 서열 또는 서열 번호 360의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 358의 아미노산 서열 또는 서열 번호 358의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 359의 아미노산 서열 또는 서열 번호 359의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0557] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 369의 아미노산 서열 또는 서열 번호 369의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 368의 아미노산 서열 또는 서열 번호 368의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 366의 아미노산 서열 또는 서열 번호 366의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 367의 아미노산 서열 또는 서열 번호 367의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한

아미노산 서열을 포함한다.

[0558] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 377의 아미노산 서열 또는 서열 번호 377의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 376의 아미노산 서열 또는 서열 번호 376의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 374의 아미노산 서열 또는 서열 번호 374의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 375의 아미노산 서열 또는 서열 번호 375의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0559] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 385의 아미노산 서열 또는 서열 번호 385의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 384의 아미노산 서열 또는 서열 번호 384의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 382의 아미노산 서열 또는 서열 번호 382의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 383의 아미노산 서열 또는 서열 번호 383의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0560] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 393의 아미노산 서열 또는 서열 번호 393의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 392의 아미노산 서열 또는 서열 번호 392의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 390의 아미노산 서열 또는 서열 번호 390의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 391의 아미노산 서열 또는 서열 번호 391의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0561] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 401의 아미노산 서열 또는 서열 번호 401의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 400의 아미노산 서열 또는 서열 번호 400의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 398의 아미노산 서열 또는 서열 번호 398의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 399의 아미노산 서열 또는 서열 번호 399의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0562] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 409의 아미노산 서열 또는 서열 번호 409의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 408의 아미노산 서열 또는 서열 번호 408의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 406의 아미노산 서열 또는 서열 번호 406의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 407의 아미노산 서열 또는 서열 번호 407의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0563] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 417의 아미노산 서열 또는 서열 번호 417의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 416의 아미노산 서열 또는 서열 번호 416의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 414의 아미노산 서열 또는 서열 번호 414의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 415의 아미노산 서열 또는 서열 번호 415의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0564] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 425의 아미노산 서열 또는 서열 번호 425의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 424의 아미노산 서열 또는 서열 번호 424의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 422의 아미노산 서열 또는 서열 번호 422의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 423의 아미노산 서열 또는 서열 번호 423의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0565] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 433의 아미노산 서열 또는 서열 번호 433의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 432의 아미노산 서열 또는 서열 번호 432의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 430의 아미노산 서열 또는 서열 번호 430의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며;

제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 431의 아미노산 서열 또는 서열 번호 431의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0566] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 441의 아미노산 서열 또는 서열 번호 441의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 440의 아미노산 서열 또는 서열 번호 440의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 438의 아미노산 서열 또는 서열 번호 438의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 439의 아미노산 서열 또는 서열 번호 439의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0567] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 449의 아미노산 서열 또는 서열 번호 449의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 448의 아미노산 서열 또는 서열 번호 448의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 446의 아미노산 서열 또는 서열 번호 446의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 447의 아미노산 서열 또는 서열 번호 447의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0568] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 457의 아미노산 서열 또는 서열 번호 457의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 456의 아미노산 서열 또는 서열 번호 456의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 454의 아미노산 서열 또는 서열 번호 454의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 455의 아미노산 서열 또는 서열 번호 455의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0569] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 465의 아미노산 서열 또는 서열 번호 465의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 464의 아미노산 서열 또는 서열 번호 464의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 462의 아미노산 서열 또는 서열 번호 462의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 463의 아미노산 서열 또는 서열 번호 463의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0570] 또 다른 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 473의 아미노산 서열 또는 서열 번호 473의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 472의 아미노산 서열 또는 서열 번호 472의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 470의 아미노산 서열 또는 서열 번호 470의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 471의 아미노산 서열 또는 서열 번호 471의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0571] 다른 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 하나 이상의 (예를 들어, 3가지의) HIV 표적 항원에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질이며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0572] [화학식 I]

[0573] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0574] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0575] [화학식 II]

[0576] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3} (홀)으로 표시되는 구조를 가지며;

[0577] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0578] [화학식 III]

[0579] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3} (놉)으로 표시되는 구조를 가지며;

[0580] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0581] [화학식 IV]

[0582] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0583] 상기 식에서,

[0584] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0585] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0586] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0587] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0588] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0589] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0590] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0591] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0592] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0593] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0594] 다른 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 하나 이상의 (예를 들어, 3가지의) HIV 표적 항원에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 3특이성 및/또는 3가 결합 단백질이며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0595] [화학식 I]

[0596] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0597] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0598] [화학식 II]

[0599] V_{H1}- L_3-V_{H2}-L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3} (놉)으로 표시되는 구조를 가지며;

[0600] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0601] [화학식 III]

[0602] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3} (홀)으로 표시되는 구조를 가지며;

[0603] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0604] [화학식 IV]

[0605] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0606] 상기 식에서,

[0607] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0608] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0609] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0610] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0611] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0612] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0613] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0614] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0615] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0616] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0617] 3특이성 결합 단백질의 추가의 예

[0618] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 하기 서열 번호 중 어느 하나로 개시된 서열에 대하여 적어도 약 80%, 적어도 약 81%, 적어도 약 82%, 적어도 약 83%, 적어도 약 84%, 적어도 약 85%, 적어도 약 86%, 적어도 약 87%, 적어도 약 88%, 적어도 약 89%, 적어도 약 90%, 적어도 약 91%, 적어도 약 92%, 적어도 약 93%, 적어도 약 94%, 적어도 약 95%, 적어도 약 96%, 적어도 약 97%, 적어도 약 98%, 또는 적어도 약 99%의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인이다: 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521.

[0619] 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 하기 서열 번호 중 어느 하나로 개시된 서열에 대하여 적어도 약 80%, 적어도 약 81%, 적어도 약 82%, 적어도 약 83%, 적어도 약 84%, 적어도 약 85%, 적어도 약 86%, 적어도 약 87%, 적어도 약 88%, 적어도 약 89%, 적어도 약 90%, 적어도 약 91%, 적어도 약 92%, 적어도 약 93%, 적어도 약 94%, 적어도 약 95%, 적어도 약 96%, 적어도 약 97%, 적어도 약 98%, 또는 적어도 약 99%의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인이다: 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508.

[0620] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2}, 및 V_{L3}은 각각 서열 번호 518, 519, 및 512로 개시된 아미노산 서열을 포함하며, V_{H1}, V_{H2}, 및 V_{H3}은 각각 서열 번호 504, 506 및 502로 개시된 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2}, 및 V_{L3}은 각각 서열 번호 518, 519, 및 513으로 개시된 아미노산 서열을 포함하며, V_{H1}, V_{H2}, 및 V_{H3}은 각각 서열 번호 504, 506, 및 503으로 개시된 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2}, 및 V_{L3}은 각각 서열 번호 519, 518, 및 513으로 개시된 아미노산 서열을 포함하며, V_{H1}, V_{H2}, 및 V_{H3}은 각각 서열 번호 506, 504, 및 503으로 개시된 아미노산 서열을 포함한다.

[0621] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이다: 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다: 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 표 C에 예시된 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 표 C에 예시된 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다.

[0622] 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L2}는 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L3}은 서열 번호 512의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H1}은 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H2}는 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인

의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H3}은 서열 번호 502의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L2}는 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H1}은 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H2}는 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L2}는 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H1}은 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H2}는 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다.

[0623] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 다음을 포함하는 가변 도메인이다: (a) 서열 266, 269, 275, 278, 281, 및 500으로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-L1; (b) 서열 267, 270, 276, 279, 282, 및 501로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-L2; 및/또는 (c) 서열 268, 271, 274, 277, 280, 및 283으로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-L3. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 표 B에 예시된 아미노산 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이다: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 278, 279 및 280으로 개시된 서열.

[0624] 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 다음을 포함하는 가변 도메인이다: (a) 서열 248, 251, 254, 257, 263, 및 499로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-H1; (b) 서열 252, 255, 258, 261, 264, 및 497로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-H2; 및/또는 (c) 서열 250, 253, 256, 259, 262, 265, 및 498로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-H3. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 표 B에 예시된 아미노산 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 499, 261 및 262로 개시된 서열.

[0625] 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 각각 서열 번호 500, 501, 및 274의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 각각 서열 번호 275, 276, 및 277의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 각각 서열 번호 266, 267, 및 268의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 각각 서열 번호 254, 255, 및 256의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 각각 서열 번호 257, 258, 및 259의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 각각 서열 번호 248, 497 및 250의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 각각 서열 번호 500, 501, 및 274의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 각각 서열 번호 275, 276,

및 277의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 각각 서열 번호 269, 270, 및 271의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 각각 서열 번호 254, 255, 및 256의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 각각 서열 번호 257, 258, 및 259의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 각각 서열 번호 251, 252 및 253의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 각각 서열 번호 275, 276, 및 277의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 각각 서열 번호 500, 501, 및 274의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 각각 서열 번호 269, 270, 및 271의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 각각 서열 번호 257, 258, 및 259의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 각각 서열 번호 254, 255, 및 256의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 각각 서열 번호 251, 252 및 253의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다.

[0626] 하나 이상의 HIV 표적 단백질 및 하나 이상의 T 세포 표적 단백질을 표적화하는 추가의 3특이성 결합 단백질

[0627] 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 하나 이상의 (예를 들어, 하나 또는 2가지의) HIV 표적 단백질 및 하나 이상의 (예를 들어, 하나 또는 2가지의) T 세포 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0628] [화학식 I]

[0629] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0630] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0631] [화학식 II]

[0632] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0633] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0634] [화학식 III]

[0635] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 가지며;

[0636] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0637] [화학식 IV]

[0638] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0639] 상기 식에서,

[0640] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0641] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0642] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0643] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0644] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0645] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0646] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0647] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0648] L_1, L_2, L_3, 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0649] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0650] 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 하나 이상의 (예를 들어, 하나 또는 2가지의) HIV 표적 단백질 및 하나 이상의 (예를 들어, 하나 또는 2가지의) T 세포 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하며, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0651] [화학식 I]

[0652] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0653] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0654] [화학식 II]

[0655] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 가지며;

[0656] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0657] [화학식 III]

[0658] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 가지며;

[0659] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0660] [화학식 IV]

[0661] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 가지며;

[0662] 상기 식에서,

[0663] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0664] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0665] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0666] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0667] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0668] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0669] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0670] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0671] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[0672] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[0673] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[0674] L_1, L_2, L_3, 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0675] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성한다.

[0676] 일부 실시 양태에서, 제1 폴리펩티드 사슬 및 제2 폴리펩티드 사슬은 2개의 특유한 항원 결합 부위를 형성하는 교차 배향을 갖는다. 일부 실시 양태에서, V_{H1} 및 V_{L1}은 결합 쌍을 형성하며, 제1 항원 결합 부위를 형성한다. 일부 실시 양태에서, V_{H2} 및 V_{L2}는 결합 쌍을 형성하며, 제2 항원 결합 부위를 형성한다. 일부 실시 양태에서, 제3 폴리펩티드 및 제4 폴리펩티드는 제3 항원 결합 부위를 형성한다. 일부 실시 양태에서, V_{H3} 및 V_{L3}은 결합 쌍을 형성하며, 제3 항원 결합 부위를 형성한다.

[0677] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 하기 서열 번호 중 어느 하나로 개시된 서열에 대하여 적어도 약 80%, 적어도 약 81%, 적어도 약 82%, 적어도 약 83%, 적어도 약 84%, 적어도 약 85%, 적어도 약 86%, 적어도 약 87%, 적어도 약 88%, 적어도 약 89%, 적어도 약 90%, 적어도 약 91%, 적어도 약 92%, 적어도 약 93%, 적어도 약 94%, 적어도 약 95%, 적어도 약 96%, 적어도 약 97%, 적어도 약 98%, 또는 적어도 약 99%의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인이다: 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.

[0678] 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 하기 서열 번호 중 어느 하나로 개시된 서열에 대하여 적어도 약 80%, 적어도 약 81%, 적어도 약 82%, 적어도 약 83%, 적어도 약 84%, 적어도 약 85%, 적어도 약 86%, 적어도 약 87%, 적어도 약 88%, 적어도 약 89%, 적어도 약 90%, 적어도 약 91%, 적어도 약 92%, 적어도 약 93%, 적어도 약 94%, 적어도 약 95%, 적어도 약 96%, 적어도 약 97%, 적어도 약 98%, 또는 적어도 약 99%의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인이다: 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511.

[0679] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2}, 및 V_{L3}은 각각 서열 번호 522, 524, 및 513으로 개시된 아미노산 서열을 포함하며, V_{H1}, V_{H2}, 및 V_{H3}은 각각 서열 번호 509, 511, 및 503으로 개시된 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2}, 및 V_{L3}은 각각 서열 번호 524, 522, 및 513으로 개시된 아미노산 서열을 포함하며, V_{H1}, V_{H2}, 및 V_{H3}은 각각 서열 번호 511, 509, 및 503으로 개시된 아미노산 서열을 포함한다.

[0680] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이다: 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.

[0681] 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다: 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511.

[0682] 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 522의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L2}는 서열 번호 524의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H1}은 서열 번호 509의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H2}는 서열 번호 511의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 서열 번호 524의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L2}는 서열 번호 522의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H1}은 서열 번호 511의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H2}는 서열 번호 509의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이며, V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다.

[0683] 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 다음을 포함하는 가변 도메인이다: (a) 서열 266, 269, 275, 278, 281, 488, 491, 494 및 500으로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-L1; (b) 서열 267, 270, 276, 279, 282, 489, 492, 495, 및 501로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-L2;

및 (c) 서열 268, 271, 274, 277, 280, 283, 490, 493, 및 496으로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-L3. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 표 B에 예시된 아미노산 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는 가변 도메인이다: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 278, 279, 및 280으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 488, 489, 및 490으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 491, 492, 및 493으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 494, 495 및 496으로 개시된 서열.

[0684] 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 다음을 포함하는 가변 도메인이다: (a) 서열 248, 251, 254, 257, 263, 479, 482, 485, 및 499로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-H1; (b) 서열 252, 255, 258, 261, 264, 480, 483, 486, 및 497로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-H2; 및 (c) 서열 250, 253, 256, 259, 262, 265, 481, 484, 487, 및 498로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 CDR-H3. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 표 B에 예시된 아미노산 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는 가변 도메인이다: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 각각 서열 번호 499, 261, 및 262로 개시된 서열; 각각 서열 번호 479, 480, 및 481로 개시된 서열; 각각 서열 번호 482, 483, 및 484로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 485, 486 및 487로 개시된 서열.

[0685] 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 각각 서열 번호 488, 489, 및 490의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 각각 서열 번호 494, 495, 및 496의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 각각 서열 번호 269, 270, 및 271의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 각각 서열 번호 479, 480, 및 481의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 각각 서열 번호 485, 486, 및 487의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 각각 서열 번호 251, 252 및 253의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다. 일부 실시 양태에서, V_{L1}은 각각 서열 번호 494, 495, 및 496의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 각각 서열 번호 488, 489, 및 490의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 각각 서열 번호 269, 270, 및 271의 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 각각 서열 번호 485, 486, 및 487의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 각각 서열 번호 479, 480, 및 481의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 각각 서열 번호 251, 252 및 253의 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함한다.

[0686] 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V^{H1}은 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 본원에 개시된 항체 CD3의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 본원에 개시된 항체 CD3의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다.

[0687] 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는

경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 본원에 개시된 항체 CD3의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 본원에 개시된 항체 CD3의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다.

[0688] 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 본원에 개시된 항체 CD3의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 본원에 개시된 항체 CD3의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다.

[0689] 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 본원에 개시된 항체 CD3의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 본원에 개시된 항체 CD3의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다.

[0690] 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 본원에 개시된 항체 CD3의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 본원에 개시된 항체 CD3의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다.

[0691] 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 본원에 개시된 항체 CD3의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 경쇄 및 중쇄 가변 서열을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이다. 일부 실시 양태에서, V_{L1} 및 V_{H1}은 항체 CD4BS "a", CD4BS "b", MPER, MPER_100W, V1/V2 유도된 "a", V1/V2 유도된 "b", 또는 V3 유도된 것 (본원에 개시됨)의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L2} 및 V_{H2}는 본원에 개시된 항체 CD3 또는 CD28_2의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가변 도메인이며, V_{L3} 및 V_{H3}은 본원에 개시된 항체 CD28 또는 CD28_2의 6개의 CDR을 포함하는 경쇄 및 중쇄 가

변 도메인이다.

[0692] 표적 단백질

[0693] 일 실시 양태에서, 결합 단백질은 하나 이상의 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합한다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 3특이성으로서, HIV-1 gp41 단백질의 MPER, HIV-1 gp120 단백질의 CD4 결합 부위, HIV-1 gp120 단백질의 V3 루프 내의 글리칸, HIV-1 gp120 단백질의 삼량체 정상부 또는 gp160에 특이적으로 결합한다. 다른 실시 양태에서, 결합 단백질은 하나 이상의 HIV 표적 단백질, 및 T 세포 수용체 복합체를 포함하는 T-세포 상의 하나 이상의 표적 단백질에 특이적으로 결합한다. 이러한 T-세포 관여항체 결합 단백질은 T 세포를 일시적으로 표적 세포에 모집하고 이와 동시에 T 세포의 세포용해 활성을 활성화시키는 것이 가능하다. T-세포 관여항체 3특이성 항체는 HIV-1 저장소를 활성화시키고 T 세포를 재인도/활성화시켜 잠복 감염 HIV-1^+ T 세포를 용해시키는 데 사용될 수 있다. T 세포 상의 표적 단백질의 예는 특히 CD3 및 CD28을 포함하지만, 이에 한정되는 것은 아니다. 일부 실시 양태에서, 3특이성 결합 단백질은 2가지 이상의 1특이성 항체 (모 항체)의 항원 결합 도메인들을 하나의 항체로 조합함으로써 생성될 수 있다. 국제 공개 제2011/038290 A2호, 국제 공개 제2013/086533 A1호, 국제 공개 제2013/070776 A1호, 국제 공개 제2012/154312 A1호, 및 국제 공개 제2013/163427 A1호를 참조하며, 이들은 본원에서 참고로 본 개시 내용에 포함된다. 본 발명의 결합 단백질은 예를 들어 인간 항체, 쥐과 항체 또는 인간화 항체를 포함하는 임의의 인간 또는 비-인간 항체로부터 수득되거나 유래된 도메인 또는 서열을 이용하여 제조될 수 있다.

[0694] 본 발명의 일부 실시 양태에서, 3가 결합 단백질은 3가지의 상이한 항원 표적에 결합할 수 있다. 일 실시 양태에서, 결합 단백질은 3특이성이며, 하나의 경쇄-중쇄 쌍은 2가지의 상이한 항원 표적 또는 에피토프에 결합할 수 있으며, 하나의 경쇄-중쇄 쌍은 하나의 항원 표적 또는 에피토프에 결합할 수 있다. 또 다른 실시 양태에서, 결합 단백질은 gp120 및 gp41 서브유닛으로 구성된 HIV 엔벨로프 당단백질 구조 상에 위치하는 3가지의 상이한 HIV 항원 표적에 결합할 수 있다. 다른 실시 양태에서, 결합 단백질은 항원 표적들 중 하나 이상의 기능을 저해할 수 있다.

[0695] 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 하나 이상의 HIV 표적 단백질에 결합한다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 단일 HIV 표적 단백질 상의 3가지의 상이한 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 제1 HIV 표적 단백질 상의 2가지의 상이한 에피토프, 및 제2 HIV 표적 단백질 상의 하나의 에피토프에 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 제1 및 제2 HIV 표적 단백질은 상이하다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 3가지의 상이한 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 상기 하나 이상의 HIV 표적 단백질은 당단백질 120, 당단백질 41, 및 당단백질 160 중 하나 이상이다.

[0696] 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 하나 이상의 HIV 표적 단백질 및 하나 이상의 T 세포 표적 단백질에 결합한다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 하나의 HIV 표적 단백질, 및 단일 T 세포 표적 단백질 상의 2가지의 상이한 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 하나의 HIV 표적 단백질 및 2가지의 상이한 T 세포 표적 단백질 (예를 들어, CD28 및 CD3)에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 하나의 T 세포 표적 단백질, 및 단일 HIV 표적 단백질 상의 2가지의 상이한 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 하나의 T 세포 표적 단백질 및 2가지의 상이한 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질의 제1 및 제2 폴리펩티드 사슬은 2가지의 T 세포 표적 단백질을 특이적으로 표적화하는 2개의 항원 결합 부위를 형성하며, 결합 단백질의 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬은 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 항원 결합 부위를 형성한다. 일부 실시 양태에서, 상기 하나 이상의 HIV 표적 단백질은 당단백질 120, 당단백질 41, 및 당단백질 160 중 하나 이상이다. 일부 실시 양태에서, 상기 하나 이상의 T 세포 표적 단백질은 CD3 및 CD28 중 하나 이상이다.

[0697] 링커

[0698] 일부 실시 양태에서, 링커 L_1, L_2, L_3, 및 L_4는 아미노산 없음 (길이=0)으로부터 약 100개의 아미노산의 길이까지, 또는 100, 50, 40, 30, 20, 또는 15개 미만의 아미노산 또는 이보다 더 적은 아미노산까지의 범위이다. 링커는 또한 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 또는 1개의 아미노산의 길이일 수 있다. 하나의 결합 단백질에서의 L_1, L_2, L_3, 및 L_4는 전부 동일 아미노산 서열을 가질 수 있거나 또는 전부 상이한 아미노산 서열을 가질 수 있다.

[0699] 적합한 링커의 예는 단일 글리신 (Gly) 잔기; 디글리신 펩티드 (Gly-Gly); 트리펩티드 (Gly-Gly-Gly); 4개의 글리신 잔기를 갖는 펩티드 (Gly-Gly-Gly-Gly; 서열 번호 285); 5개의 글리신 잔기를 갖는 펩티드 (Gly-Gly-Gly-

Gly-Gly; 서열 번호 286); 6개의 글리신 잔기를 갖는 펩티드 (Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly; 서열 번호 287); 7개의 글리신 잔기를 갖는 펩티드 (Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly; 서열 번호 288); 8개의 글리신 잔기를 갖는 펩티드 (Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly; 서열 번호 289)를 포함한다. 아미노산 잔기의 다른 조합, 예컨대 펩티드 Gly-Gly-Gly-Gly-Ser (서열 번호 290), 펩티드 Gly-Gly-Gly-Gly-Ser-Gly-Gly-Gly-Gly-Ser (서열 번호 291) 및 펩티드 Gly-Gly-Gly-Gly-Ser-Gly-Gly-Gly-Gly-Ser-Gly-Gly-Gly-Gly-Ser (서열 번호 292)이 사용될 수 있다. 다른 적절한 링커는 단일 Ser 및 Val 잔기; 디펩티드 Arg-Thr, Gln-Pro, Ser-Ser, Thr-Lys, 및 Ser-Leu; Thr-Lys-Gly-Pro-Ser (서열 번호 293), Thr-Val-Ala-Ala-Pro (서열 번호 294), Gln-Pro-Lys-Ala-Ala (서열 번호 295), Gln-Arg-Ile-Glu-Gly (서열 번호 296); Ala-Ser-Thr-Lys-Gly-Pro-Ser (서열 번호 297), Arg-Thr-Val-Ala-Ala-Pro-Ser (서열 번호 298), Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299), 및 His-Ile-Asp-Ser-Pro-Asn-Lys (서열 번호 300)을 포함한다. 상기 열거된 예는 본 발명의 범주를 어떤 방식으로든 제한하는 것으로 의도되지 않으며, 발린, 류신, 이소류신, 세린, 트레오닌, 라이신, 아르기닌, 히스티딘, 아스파르테이트, 글루타메이트, 아스파라긴, 글루타민, 글리신 및 프롤린으로 이루어진 군으로부터 선택되는 무작위로 선택된 아미노산을 포함하는 링커가 결합 단백질에서 적합한 것으로 밝혀졌다.

[0700] 링커 내의 아미노산 잔기의 아이덴티티(identity) 및 서열은 링커에서 달성할 필요가 있는 이차 구조 요소의 유형에 따라 달라질 수 있다. 예를 들어, 글리신, 세린 및 알라닌은 최대 유연성을 갖는 링커에 있어서 최적이다. 글리신, 프롤린, 트레오닌 및 세린의 일부 조합은, 더욱 경성(rigid)이고 연장된 링커가 필요한 경우에 유용하다. 원하는 특성에 따라 필요할 경우 더 큰 펩티드 링커가 구축되도록 다른 아미노산 잔기와 조합되는 임의의 아미노산 잔기가 링커로 간주될 수 있다.

[0701] 일부 실시 양태에서, L_1의 길이는 L_3의 길이의 적어도 2배이다. 일부 실시 양태에서, L_2의 길이는 L_4의 길이의 적어도 2배이다. 일부 실시 양태에서, L_1의 길이는 L_3의 길이의 적어도 2배이며, L_2의 길이는 L_4의 길이의 적어도 2배이다. 일부 실시 양태에서, L_1은 길이가 3 내지 12개의 아미노산 잔기이며, L_2는 길이가 3 내지 14개의 아미노산 잔기이며, L_3은 길이가 1 내지 8개의 아미노산 잔기이며, L_4는 길이가 1 내지 3개의 아미노산 잔기이다. 일부 실시 양태에서, L_1은 길이가 5 내지 10개의 아미노산 잔기이며, L_2는 길이가 5 내지 8개의 아미노산 잔기이며, L_3은 길이가 1 내지 5개의 아미노산 잔기이며, L_4는 길이가 1 내지 2개의 아미노산 잔기이다. 일부 실시 양태에서, L_1은 길이가 7개의 아미노산 잔기이며, L_2는 길이가 5개의 아미노산 잔기이며, L_3은 길이가 1개의 아미노산 잔기이며, L_4는 길이가 2개의 아미노산 잔기이다.

[0702] 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 및/또는 L_4는 서열 Asp-Lys-Thr-His-Thr (서열 번호 525)을 포함한다. 일부 실시 양태에서, L_1은 서열 Asp-Lys-Thr-His-Thr (서열 번호 525)을 포함한다. 일부 실시 양태에서, L_3은 서열 Asp-Lys-Thr-His-Thr (서열 번호 525)을 포함한다.

[0703] 일부 실시 양태에서, L_1, L_2, L_3, 및/또는 L_4는 서열 Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299)을 포함한다. 일부 실시 양태에서, L_1은 서열 Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299)을 포함한다. 일부 실시 양태에서, L_1은 서열 Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299)을 포함하며, L_2는 서열 Thr-Lys-Gly-Pro-Ser-Arg (서열 번호 526)을 포함하며, L_3은 서열 Ser을 포함하며, L_4는 서열 Arg-Thr을 포함한다. 일부 실시 양태에서, L_3은 서열 Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299)을 포함한다. 일부 실시 양태에서, L_1은 서열 Ser을 포함하며, L_2는 서열 Arg-Thr을 포함하며, L_3은 서열 Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299)을 포함하며, L_4는 서열 Thr-Lys-Gly-Pro-Ser-Arg (서열 번호 526)을 포함한다.

[0704] Fc 영역 및 불변 도메인

[0705] 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하는 제2 폴리펩티드 사슬을 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하는 제3 폴리펩티드 사슬을 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역 (상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2}

및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함함)을 추가로 포함하는 제2 폴리펩티드 사슬과, C_{H1}에 연결된 Fc 영역 (상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함함)을 추가로 포함하는 제3 폴리펩티드 사슬을 포함한다.

[0706] 결합 단백질의 수율을 향상시키기 위하여, 일부 실시 양태에서, C_{H3} 도메인은 예를 들어 국제 공개 제96/027011호, 문헌[Ridgway *et al.*, 1996, *Protein Eng.* 9: 617-21]; 및 문헌[Merchant *et al.*, 1998, *Nat. Biotechnol.* 16: 677-81]에서 몇몇 실시예에 의해 상세하게 설명된 "놉-인투-홀" 기술에 의해 변경될 수 있다. 구체적으로, 2개의 C_{H3} 도메인의 상호작용 표면은 이러한 2개의 C_{H3} 도메인을 포함하는 둘 다의 중쇄의 이종이량체화(heterodimerisation)를 증가시키도록 변경된다. (상기 2개의 중쇄의) 상기 2개의 C_{H3} 도메인 각각은 "놉"일 수 있는 반면, 다른 것은 "홀"이다. 디술피드 가교체의 도입은 추가로 이종이량체를 안정화시키며 (문헌[Merchant *et al.*, 1998]; 문헌[Atwell *et al.*, 1997, *J. Mol. Biol.* 270: 26-35]) 수율을 증가시킨다. 특정 실시 양태에서, 놉은 단일 가변 도메인을 갖는 제2 폴리펩티드 쌍 상에 있다. 다른 실시 양태에서, 놉은 교차 배향을 갖는 제1 폴리펩티드 쌍 상에 있다. 또 다른 실시 양태에서, C_{H3} 도메인은 놉 인 홀(knob in hole)을 포함하지 않는다.

[0707] 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 제2 폴리펩티드 사슬 상의 "놉" 돌연변이 및 제3 폴리펩티드 사슬 상의 "홀" 돌연변이를 포함한다. 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 제3 폴리펩티드 사슬 상의 "놉" 돌연변이 및 제2 폴리펩티드 사슬 상의 "홀" 돌연변이를 포함한다. 일부 실시 양태에서, "놉" 돌연변이는 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 치환을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다. 일부 실시 양태에서, "홀" 돌연변이는 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 치환을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이다. 일부 실시 양태에서, 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이다.

[0708] 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 혈청중 반감기를 개선시키기 위한 하나 이상의 돌연변이를 포함한다 (예를 들어, 문헌[Hinton, P.R. *et al.* (2006) *J. Immunol.* 176(1):346-56] 참조). 일부 실시 양태에서, 돌연변이는 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 치환을 포함하며, 여기서, 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다. 일부 실시 양태에서, 결합 단백질은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역 (상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함함)을 추가로 포함하는 제2 폴리펩티드 사슬과, C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역 (상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함함)을 추가로 포함하는 제3 폴리펩티드 사슬을 포함하며, 여기서, 제1 및 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S이다. 일부 실시 양태에서, 본 발명의 결합 단백질은 놉 및 홀 돌연변이 및 혈청중 반감기를 향상시키기 위한 하나 이상의 돌연변이를 포함한다.

[0709] 일부 실시 양태에서, 본원에 개시된 3특이성 결합 단백질의 C_{H1}, C_{H2}, C_{H3} 및 C_L은 결합 단백질 1 내지 53의 C_{H1},

C_{H2}, C_{H3} 및 C_L 서열 중 임의의 것을 포함할 수 있다.

[0710] 핵산

[0711] 표준 재조합 DNA 방법은 결합 단백질을 형성하는 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 구축하고, 이러한 폴리뉴클레오티드를 재조합 발현 벡터 내에 포함시키고, 그러한 벡터를 숙주 세포 내에 도입하는 데 사용된다. 예를 들어, 문헌[Sambrook *et al.*, 2001, Molecular Cloning:A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 3rd ed.)]을 참조한다. 효소 반응 및 정제 기술은 제조업자의 명세서에 따라 수행될 수 있으며, 이는 본 기술 분야에서 일반적으로 성취되는 바와 같거나 본원에 설명된 바와 같다. 특정한 정의가 제공되지 않으면, 본원에서 설명된 분석 화학, 합성 유기 화학, 및 의약품 및 제약 화학과 관련하여 이용되는 명명법 및 이들의 검사실의 절차 및 기술로는 본 기술 분야에서 잘 알려지고 일반적으로 사용되는 것이 있다. 이와 유사하게, 통상적인 기술이 화학 합성, 화학 분석, 제약 제제, 제형, 전달, 및 환자의 치료에 사용될 수 있다.

[0712] 본 발명의 다른 측면은 본원에 개시된 결합 단백질들 중 임의의 것을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 단리된 핵산 분자에 관한 것이다. 일부 실시 양태에서, 단리된 핵산은 결합 단백질-코딩 핵산 서열의 전사를 지시하기 위한 이종 프로모터에 작동가능하게 연결된다. 프로모터는 핵산의 전사를 지시하는 핵산 제어 서열을 나타낼 수 있다. 제1 핵산 서열은 제2 핵산 서열과 기능적으로 관련되어 두어질 때 제2 핵산 서열에 작동가능하게 연결된 것이다. 예를 들어, 프로모터는 결합 단백질의 코딩 서열의 전사 또는 발현에 영향을 줄 경우 상기 코딩 서열에 작동가능하게 연결된 것이다. 프로모터의 예는 바이러스 (예컨대 폴리오마 바이러스(polyoma virus), 계두 바이러스(fowlpox virus), 아데노바이러스(adenovirus) (예컨대 아데노바이러스 2), 소 유두종 바이러스, 조류 육종 바이러스, 거대세포 바이러스(cytomegalovirus), 레트로바이러스, B형 간염 바이러스, 시미안 바이러스(Simian Virus) 40 (SV40) 등)의 게놈으로부터, 이종성 진핵 프로모터 (예컨대 액틴 프로모터, 면역글로불린 프로모터, 열충격(heat-shock) 프로모터 등), CAG-프로모터 (문헌[Niwa et al., Gene 108(2):193-9, 1991]), 포스포글리세레이트 키나아제 (PGK)-프로모터, 테트라사이클린-유도성 프로모터 (문헌[Masui et al., Nucleic Acids Res. 33:e43, 2005]), lac 시스템, trp 시스템, tac 시스템, trc 시스템, 파지 람다의 주요 오퍼레이터 및 프로모터 영역, 3-포스포글리세레이트 키나아제에 대한 프로모터, 효모 산 포스파타아제의 프로모터, 및 효모 알파-교배 인자의 프로모터로부터 수득되는 프로모터를 포함할 수 있지만, 이에 한정되는 것은 아니다. 본 발명의 결합 단백질을 코딩하는 폴리뉴클레오티드는 구성적(constitutive) 프로모터, 유도성 프로모터, 또는 본원에 개시된 임의의 다른 적합한 프로모터 또는 당업자에 의해 쉽게 인식되는 다른 ㅈ거합한 프로모터의 제어 하에 있을 수 있다.

[0713] 일부 실시 양태에서, 단리된 핵산은 벡터 내에 포함된다. 일부 실시 양태에서, 벡터는 발현 벡터이다. 발현 벡터는 발현될 폴리뉴클레오티드에 작동되게 연결된 하나 이상의 조절 서열을 포함할 수 있다. "조절 서열"이라는 용어는 프로모터, 인핸서 및 기타 발현 제어 요소 (예를 들어, 폴리아데닐화 신호)를 포함한다. 적합한 인핸서의 예는 포유류 유전자 (예컨대 글로빈, 엘라스타아제, 알부민, α-태아단백질, 인슐린 등)로부터의 인핸서 서열, 및 진핵 세포 바이러스로부터의 인핸서 서열 (예컨대 복제 원점의 후기 쪽의 SV40 인핸서 (bp 100-270), 거대세포 바이러스 초기 프로모터 인핸서, 복제 원점의 후기 쪽의 폴리오마(polyoma) 인핸서, 아데노바이러스 인핸서 등)을 포함할 수 있지만, 이에 한정되는 것은 아니다. 적합한 벡터의 예는 예를 들어 플라스미드, 코스미드, 에피솜, 트랜스포존, 및 바이러스 벡터 (예를 들어, 아데노바이러스, 백시니아 바이러스, 신드비스(Sindbis) 바이러스, 홍역 바이러스, 헤르페스 바이러스, 렌티바이러스, 레트로바이러스, 아데노-부속 바이러스 벡터 등)를 포함할 수 있다. 발현 벡터는 예를 들어 박테리아 세포, 효모 세포, 곤충 세포, 및 포유류 세포와 같은 숙주 세포의 트랜스펙션에 사용될 수 있다. 숙주에서의 발현 및 복제가 가능한 생물학적 기능성 바이러스 및 플라스미드 DNA 벡터가 본 기술 분야에 공지되어 있으며, 이는 관심 대상의 임의의 세포의 트랜스펙션에 사용될 수 있다.

[0714] 본 발명의 다른 측면은 본원에 개시된 결합 단백질들 중 임의의 것의 제1, 제2, 제3, 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 하나 이상의 벡터를 포함하는 벡터 시스템에 관한 것이다. 일부 실시 양태에서, 벡터 시스템은 결합 단백질의 제1 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 결합 단백질의 제2 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터, 결합 단백질의 제3 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제3 벡터, 및 결합 단백질의 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제4 벡터를 포함한다. 일부 실시 양태에서, 벡터 시스템은 결합 단백질의 제1 및 제2 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 및 결합 단백질의 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터를 포함한다. 일부 실시 양태에서, 벡터 시스템은 결합 단백질의 제1 및 제3 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 및 결합 단백질의 제2 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터를 포함한다. 일부 실시 양태에서, 벡터 시스템은 결합 단백질의

제1 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 및 결합 단백질의 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터를 포함한다. 일부 실시 양태에서, 벡터 시스템은 결합 단백질의 제1, 제2, 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터를 포함한다. 벡터 시스템의 상기 하나 이상의 벡터는 본원에 개시된 벡터들 중 임의의 것일 수 있다. 일부 실시 양태에서, 상기 하나 이상의 벡터는 발현 벡터이다.

[0715] 숙주 세포

[0716] 본 발명의 다른 측면은 본원에 개시된 하나 이상의 단리된 폴리뉴클레오티드, 벡터, 및/또는 벡터 시스템을 포함하는 숙주 세포 (예를 들어, 단리된 숙주 세포)에 관한 것이다. 일부 실시 양태에서, 본 발명의 단리된 숙주 세포는 시험관 내에서 배양된다. 일부 실시 양태에서, 숙주 세포는 박테리아 세포 (예를 들어, 이. 콜라이(*E. coli*) 세포)이다. 일부 실시 양태에서, 숙주 세포는 효모 세포 (예를 들어, 에스. 세레비지애(*S. cerevisiae*) 세포)이다. 일부 실시 양태에서, 숙주 세포는 곤충 세포이다. 곤충 숙주 세포의 예는 예를 들어 드로소필라(*Drosophila*) 세포 (예를 들어, S2 세포), 트리코플루시아 니(*Trichoplusia ni*) 세포 (예를 들어, 하이 파이브(High Five)™ 세포), 및 스포도프테라 프루기페르다(*Spodoptera frugiperda*) 세포 (예를 들어, Sf21 또는 Sf9 세포)를 포함할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 숙주 세포는 포유류 세포이다. 포유류 숙주 세포의 예는 예를 들어 인간 배아 신장 세포 (예를 들어, 현탁 배양에서의 성장용으로 서브클로닝된 293 또는 293 세포), 엑스피(Expi)293TM 세포, CHO 세포, 베이비 햄스터 신장 세포(baby hamster kidney cell) (예를 들어, BHK, ATCC CCL 10), 마우스 세르톨리(mouse sertoli) 세포 (예를 들어, TM4 세포), 원숭이 신장 세포 (예를 들어, CV1 ATCC CCL 70), 아프리카 사바나 원숭이(African green monkey) 신장 세포 (예를 들어, VERO-76, ATCC CRL-1587), 인간 자궁경부 암종 세포 (예를 들어, HELA, ATCC CCL 2), 개 신장 세포 (예를 들어, MDCK, ATCC CCL 34), 버팔로 래트(buffalo rat) 간세포 (예를 들어, BRL 3A, ATCC CRL 1442), 인간 폐세포 (예를 들어, W138, ATCC CCL 75), 인간 간세포 (예를 들어, Hep G2, HB 8065), 마우스 유선 종양 세포 (예를 들어, MMT 060562, ATCC CCL51), TRI 세포, MRC 5 세포, FS4 세포, 인간 간암 세포주 (예를 들어, Hep G2), 및 골수종 세포 (예를 들어, NS0 및 Sp2/0 세포)를 포함할 수 있다.

[0717] 본 발명의 다른 측면은 본원에 개시된 결합 단백질들 중 임의의 것의 제조 방법에 관한 것이다. 일부 실시 양태에서, 본 방법은 a) 단리된 핵산, 벡터, 및/또는 벡터 시스템 (예를 들어, 본원에 개시된 단리된 핵산, 벡터, 및/또는 벡터 시스템 중 임의의 것)을 포함하는 숙주 세포 (예를 들어, 본원에 개시된 숙주 세포 중 임의의 것)를, 숙주 세포가 결합 단백질을 발현하도록 하는 조건 하에 배양하는 단계; 및 b) 결합 단백질을 숙주 세포로부터 단리하는 단계를 포함한다. 단백질을 발현시키는 조건 하에 숙주 세포를 배양하는 방법은 당업자에게 잘 알려져 있다. 단백질을 배양된 숙주 세포로부터 단리하는 방법은 당업자에게 잘 알려져 있으며, 이는 예를 들어 친화성 크로마토그래피 (예를 들어, 단백질 A 친화성 크로마토그래피, 이어서 크기 배제 크로마토그래피를 포함하는 2단계 친화성 크로마토그래피)에 의한 것을 포함한다.

[0718] **결합 단백질의 용도**

[0719] 결합 단백질은 임의의 공지된 분석 방법, 예컨대 경쟁적 결합 분석법, 직접적 및 간접적 샌드위치(sandwich) 분석법, 및 면역침전 분석법 (하나 이상의 표적 항원의 검출 및 정량화를 위한 것임)에서 이용될 수 있다. 결합 단백질은 이용되는 분석 방법에 적절한 친화도로 상기 하나 이상의 표적 항원에 결합할 것이다.

[0720] 진단 응용에 있어서, 특정 실시 양태에서, 결합 단백질은 검출가능한 모이어티(moiety)로 표지될 수 있다. 검출가능한 모이어티는 검출가능한 신호를 직접적으로 또는 간접적으로 생성할 수 있는 임의의 것일 수 있다. 예를 들어, 검출가능한 모이어티는 방사성 동위 원소, 예컨대 ^{3}H, ^{14}C, ^{32}P, ^{35}S, ^{125}I, ^{99}Tc, ^{111}In, 또는 ^{67}Ga; 형광 또는 화학발광 화합물, 예컨대 플루오레세인 이소티오시아네이트, 로다민, 또는 루시페린; 또는 효소, 예컨대 알칼리 포스파타아제, β-갈락토시다아제, 또는 서양 고추냉이 퍼옥시다아제일 수 있다.

[0721] 결합 단백질은 또한 생체 내 영상화에 유용하다. 검출가능한 모이어티로 표지된 결합 단백질은 동물에게, 예를 들어, 혈류 내로 투여될 수 있으며, 숙주 내에서의 표지된 항체의 위치가 분석될 수 있다. 결합 단백질은 핵 자기 공명에 의해서든지, 방사선 이용(radiology)에 의해서든지, 또는 본 기술 분야에 공지된 다른 검출 수단에 의해서든지 간에 동물에서 검출가능한 임의의 모이어티로 표지될 수 있다.

[0722] 또한 본 발명은 생물학적 샘플 중 표적 항원 수준의 탐지에 유용한 다른 시약 및 결합 단백질을 포함하는 키트에 관한 것이다. 그러한 시약은 검출가능 표지체, 차단용 혈청, 양성 및 음성 대조 샘플, 및 검출 시약을 포함할 수 있다. 일부 실시 양태에서, 키트는 본원에 개시된 임의의 결합 단백질, 폴리뉴클레오티드, 벡터, 벡터 시스템, 및/또는 숙주 세포를 포함하는 조성물을 포함한다. 일부 실시 양태에서, 키트는 용기 및 용기 상의 또는

용기와 결부된 라벨 또는 패키지 인서트(insert)를 포함한다. 적합한 용기는 예를 들어 병, 바이알, 시린지, IV 용액용 백 등을 포함한다. 용기는 다양한 재료, 예컨대 유리 또는 플라스틱으로 형성될 수 있다. 용기는 단독인, 또는 병태 (예를 들어, HIV 감염)의 치료, 예방 및/또는 진단에 효과적인 또 다른 조성물과 조합된 조성물을 수용하며, 살균 접근 포트(access port)를 가질 수 있다 (예를 들어, 용기는 피하 주사 바늘에 의해 관통가능한 마개를 갖는 정맥내 용액용 백 또는 바이알일 수 있다). 일부 실시 양태에서, 라벨 또는 패키지 인서트는 조성물이 선택된 병태의 예방, 진단, 및/또는 치료에 사용됨을 표시한다. 대안적으로, 또는 추가적으로, 제조 물품 또는 키트는 정균처리한 주사용수(bacteriostatic water for injection, BWFI), 인산염 완충 염수, 링거액(Ringer's solution) 및 덱스트로스 용액과 같은 제약상 허용가능한 완충액을 포함하는 제2 (또는 제3) 용기를 추가로 포함할 수 있다. 그것은 다른 완충액, 희석제, 필터, 주사바늘 및 주사기를 포함한, 상업적 및 사용자 관점에서 바람직한 다른 물질을 추가로 포함할 수 있다.

[0723] 결합 단백질을 포함하는 치료용 조성물 또는 제약 조성물은 본 발명의 범주 내에 있다. 그러한 치료용 조성물 또는 제약 조성물은 투여 양식에서의 적합성을 위하여 선택된 제약상 또는 생리학적으로 허용가능한 제형화제와 혼합된, 치료적 유효량의 결합 단백질, 또는 결합 단백질-약물 콘쥬게이트를 포함할 수 있다.

[0724] 허용가능한 제형화 물질은 이용되는 투여량 및 농도에서 수용자에게 비독성이다.

[0725] 제약 조성물은 예를 들어 조성물의 pH, 오스몰 농도, 점도, 투명도, 색, 등장성, 냄새, 살균성, 안정성, 용해 또는 방출 속도, 흡착성, 또는 투과성을 변경시키거나, 유지하거나, 보존하기 위한 제형화 물질을 함유할 수 있다. 적합한 제형화 물질은 아미노산 (예컨대 글리신, 글루타민, 아스파라긴, 아르기닌, 또는 라이신), 항미생물제, 산화방지제 (예컨대 아스코르브산, 아황산나트륨, 또는 황산수소나트륨), 완충제 (예컨대 보레이트, 바이카르보네이트, 트리스-HCl, 시트레이트, 포스페이트, 또는 다른 유기 산), 벌킹제(bulking agent) (예컨대 만니톨 또는 글리신), 킬레이팅제 (예컨대 에틸렌디아민 테트라아세트산 (EDTA)), 복합체 형성제(complexing agent) (예컨대 카페인, 폴리비닐피롤리돈, 베타-시클로덱스트린, 또는 히드록시프로필-베타-시클로덱스트린), 충전제, 단당류, 이당류, 및 기타 탄수화물 (예컨대 글루코스, 만노스, 또는 덱스트린), 단백질 (예컨대 혈청 알부민, 젤라틴, 또는 면역글로불린), 착색제, 착향제 및 희석제, 유화제, 친수성 중합체 (예컨대 폴리비닐피롤리돈), 저분자량 폴리펩티드, 염-형성 반대 이온 (예컨대 소듐), 방부제 (예컨대 벤잘코늄 클로라이드, 벤조산, 살리실산, 티메로살, 페네틸 알코올, 메틸파라벤, 프로필파라벤, 클로르헥시딘, 소르브산, 또는 과산화수소), 용매 (예컨대 글리세린, 프로필렌 글리콜, 또는 폴리에틸렌 글리콜), 당 알코올 (예컨대 만니톨 또는 소르비톨), 현탁제, 계면활성제 또는 습윤제 (예컨대 플루로닉(pluronic); PEG; 소르비탄 에스테르; 폴리소르베이트, 예컨대 폴리소르베이트 20 또는 폴리소르베이트 80; 트리톤(triton); 트로메타민; 레시틴; 콜레스테롤 또는 틸록사팔), 안정성 향상제 (예컨대 수크로스 또는 소르비톨), 장성 향상제 (예컨대 알칼리 금속 할로겐화물 - 예를 들어, 염화나트륨 또는 염화칼륨 - 또는 만니톨 소르비톨), 전달 비히클, 희석제, 부형제 및/또는 의약 보조제 (pharmaceutical adjuvant) (예를 들어, 문헌[Remington's Pharmaceutical Sciences (18th Ed., A.R. Gennaro, ed., Mack Publishing Company 1990)], 및 이의 후속판, 임의의 목적을 위하여 본원에 참고로 포함됨)를 포함하지만, 이에 한정되는 것은 아니다.

[0726] 최적 제약 조성물은 예를 들어 의도된 투여 경로, 전달 포맷, 및 원하는 투여량에 따라 당업자에 의해 결정될 것이다. 그러한 조성물은 결합 단백질의 물리적 상태, 안정성, 생체 내 방출 속도, 및 생체 내 제거 속도에 영향을 줄 수 있다.

[0727] 제약 조성물 중 일차 비히클 또는 담체는 사실상 수성 또는 비-수성 중 어느 하나일 수 있다. 예를 들어, 주사에 적합한 비히클 또는 담체는 가능하게는 비경구 투여용 조성물에서 일반적인 다른 물질이 보충된, 물, 생리 식염수 용액, 또는 인공 뇌척수액일 수 있다. 중성 완충 식염수 또는 혈청 알부민과 혼합된 식염수가 추가의 예시적인 비히클이다. 다른 예시적인 제약 조성물은 대략 pH 7.0 내지 8.5의 트리스 완충제, 또는 대략 pH 4.0 내지 5.5의 아세테이트 완충제를 포함할 수 있는데, 이는 소르비톨 또는 적합한 대체재를 추가로 포함할 수 있다. 본 발명의 일 실시 양태에서, 결합 단백질 조성물은 원하는 정도의 순도를 갖는 선택된 조성물을 선택적 제형화제와 혼합함으로써 보관용으로, 동결건조 케이크 또는 수성 용액의 형태로 제조될 수 있다. 또한, 결합 단백질은 적절한 부형제, 예컨대 수크로스를 이용하여 동결건조물로서 제형화될 수 있다.

[0728] 본 발명의 제약 조성물은 비경구 전달 또는 피하용으로 선택될 수 있다. 대안적으로, 조성물은 흡입용으로 또는 소화관을 통한 전달용으로, 예컨대 경구용으로 선택될 수 있다. 그러한 제약상 허용가능한 조성물의 제조는 본 기술 분야의 기술 내에 있다.

[0729] 제형 성분은 투여 부위에 허용가능한 농도로 존재한다. 예를 들어, 완충제는 조성물을 생리학적 pH에서 또는 약

간 더 낮은 pH에서, 전형적으로 약 5 내지 약 8의 pH 범위 내에서 유지하는 데 사용된다.

[0730] 비경구 투여가 고려될 때, 사용하기 위한 치료용 조성물은 제약상 허용가능한 비히클 중 원하는 결합 단백질을 포함하는 무발열원성의 비경구용으로 허용가능한 수성 용액의 형태로 존재할 수 있다. 비경구 주사에 특히 적합한 비히클은 적당하게 방부제 처리된, 결합 단백질이 살균, 등장 용액으로서 제형화되는 살균 증류수이다. 또 다른 제법은 생성물의 조절 방출 또는 지속 방출을 제공하는, 주사가능 미소구체, 생분해성(bio-erodible) 입자, 중합체성 화합물 (예컨대 폴리락트산 또는 폴리글리콜산), 비드, 또는 리포좀과 같은 에이전트(agent)를 이용한 원하는 분자의 제형화를 포함할 수 있는데, 상기 생성물은 그 후 데포(depot) 주사를 통하여 전달될 수 있다. 히알루론산이 또한 사용될 수 있으며, 이것은 순환의 부단한 지속을 촉진하는 효과를 가질 수 있다. 원하는 분자의 도입에 적합한 다른 수단은 이식형 약물 전달 장치를 포함한다.

[0731] 일 실시 양태에서, 제약 조성물은 흡입용으로 제형화될 수 있다. 예를 들어, 결합 단백질은 흡입용 건조 산제로서 제형화될 수 있다. 결합 단백질 흡입 용액은 또한 에어로졸 전달을 위하여 분사제를 이용하여 제형화될 수 있다. 또 다른 실시 양태에서, 용액은 분무될 수 있다.

[0732] 특정 제형은 경구 투여될 수 있음이 또한 고려된다. 본 발명의 일 실시 양태에서, 이러한 방식을 투여되는 결합 단백질은 고체 투여 형태, 예컨대 정제 및 캡슐의 배합에서 관례적으로 사용되는 담체를 이용하여 또는 이를 이용하지 않고서 제형화될 수 있다. 예를 들어, 캡슐은 생체이용률이 최대화되고 사전-전신적 분해가 최소화되는 위장관에서의 지점에서 제형의 활성 부분을 방출하도록 설계될 수 있다. 추가의 에이전트를 첨가하여 결합 단백질의 흡수를 용이하게 할 수 있다. 희석제, 착향제, 저 융점 왁스, 식물유, 활택제, 현탁제, 정제 붕해제, 및 결합제가 또한 이용될 수 있다.

[0733] 또 다른 제약 조성물은 정제의 제조에 적합한 비-독성 부형제와의 혼합물 형태의 유효한 양의 결합 단백질을 포함할 수 있다. 정제를 살균수, 또는 또 다른 적절한 비히클에 용해시킴으로써, 용액이 단위 용량 형태로 제조될 수 있다. 적합한 부형제는 불활성 희석제, 예컨대 탄산칼슘, 탄산나트륨 또는 중탄산나트륨, 락토스, 또는 인산칼슘; 또는 결합제, 예컨대 전분, 젤라틴, 또는 아카시아; 또는 활택제, 예컨대 스테아르산마그네슘, 스테아르산, 또는 활석을 포함하지만, 이에 한정되는 것은 아니다.

[0734] 지속 전달형 또는 조절 전달형 제형 형태의 결합 단백질을 포함하는 제형을 비롯한 본 발명의 추가의 제약 조성물은 당업자에게 명백할 것이다. 다양한 다른 지속 전달 또는 조절 전달 수단, 예컨대 리포좀 담체, 생분해성 미세입자 또는 다공성 비드 및 데포 주사제의 제형화 기술이 또한 당업자에게 공지되어 있다. 지속 방출형 제제의 추가의 예는 성형 물품의 형태의 반투과성 중합체 매트릭스, 예를 들어 필름, 또는 미세캡슐을 포함한다. 지속 방출형 매트릭스는 폴리에스테르, 히드로겔, 폴리락티드, L-글루탐산과 감마 에틸-L-글루타메이트의 공중합체, 폴리(2-히드록시에틸-메타크릴레이트), 에틸렌 비닐 아세테이트, 또는 폴리-D(-)-3-히드록시부티르산을 포함할 수 있다. 지속 방출형 조성물은 또한 리포좀을 포함할 수 있으며, 이는 본 기술 분야에 공지된 임의의 몇몇 방법에 의해 제조될 수 있다.

[0735] 생체 내 투여에 사용될 제약 조성물은 전형적으로 살균성이어야 한다. 이는 살균 여과막을 통한 여과에 의해 달성될 수 있다. 조성물이 동결건조되는 경우, 이러한 방법을 이용한 살균은 동결건조 및 재구성 전에, 또는 동결건조 및 재구성 후에 행해질 수 있다. 비경구 투여용 조성물은 동결건조 형태로 또는 용액으로 보관될 수 있다. 게다가, 일반적으로 비경구 조성물은 살균 접근 포트를 갖는 용기, 예를 들어 피하 주사 바늘에 의해 관통가능한 마개를 갖는 정맥내 용액용 백 또는 바이알 내에 두어진다.

[0736] 일단 제약 조성물이 제형화되었으면, 그것은 용액, 현탁액, 겔, 에멀젼, 고체 또는 탈수 또는 동결건조 분말로서 살균 바이알에 보관될 수 있다. 그러한 제형은 즉시 사용 가능한 형태 또는 투여 전에 재구성을 필요로 하는 형태 (예를 들어, 동결건조됨)로 보관될 수 있다.

[0737] 본 발명은 또한 단일 용량 투여 단위를 생성하기 위한 키트를 포함한다. 키트는 각각 건조 단백질을 갖는 제1 용기 및 수성 제형을 갖는 제2 용기 둘 다를 포함할 수 있다. 또한, 단일 및 다중-챔버형 사전-충전 주사기 (예를 들어, 액체 주사기 및 동결주사기(lyosyringe))를 포함하는 키트가 본 발명의 범주 내에 포함된다.

[0738] 치료적으로 이용될 결합 단백질 제약 조성물의 유효량은 예를 들어 치료적 맥락 및 목적에 따라 달라질 것이다. 따라서 당업자라면 치료에 적절한 투여 수준이 부분적으로는 전달되는 분자, 결합 단백질이 사용되는 증후, 투여 경로, 및 환자의 크기 (체중, 체표면적, 또는 기관 크기) 및 상태 (연령 및 종합 건강)에 따라 달라짐을 알 것이다. 따라서, 임상의는 투여량을 적정하고 투여 경로를 변경시켜 최적의 치료 효과를 얻을 수 있다.

[0739] 투약 빈도는 사용되는 제형 중 결합 단백질의 약동학적 파라미터에 따라 달라질 것이다. 전형적으로, 임상의는

원하는 효과를 달성하는 투여량에 도달될 때까지 조성물을 투여할 것이다. 따라서 조성물은 단회 용량으로서, 시간이 지남에 따른 2회 이상의 용량 (이는 동일한 양의 원하는 분자를 포함할 수 있거나 포함하지 않을 수 있음)으로서, 또는 이식 장치 또는 카테터를 통한 연속 주입물로서 투여될 수 있다. 적절한 투여량의 추가의 개량은 당업자에 의해 일상적으로 이루어지며, 당업자에 의해 일상적으로 수행되는 과제의 영역 내에 있다. 적절한 투여량은 적절한 용량-반응 데이터의 사용을 통하여 규명될 수 있다.

[0740] 제약 조성물의 투여 경로는 공지된 방법, 예를 들어 경구적 방법에 따르거나; 정맥내, 복강내, 뇌내 (뇌실질내), 뇌실내, 근육내, 안내, 동맥내, 문맥내, 또는 병변내 경로에 의한 것이거나; 지속 방출 시스템에 의한 것이거나; 또는 이식 장치에 의한 것이다. 원할 경우, 조성물은 볼루스 주사에 의해 또는 주입에 의해 계속적으로, 또는 이식 장치에 의해 투여될 수 있다.

[0741] 조성물은 또한 원하는 분자가 흡수되었거나 봉지된 막, 스펀지, 또는 기타 적절한 물질의 이식을 통하여 국소 투여될 수 있다. 이식 장치가 사용될 경우, 상기 장치는 임의의 적합한 조직 또는 기관 내에 이식될 수 있으며, 원하는 분자의 전달은 확산, 정시 방출형 볼루스, 또는 연속 투여를 통한 것일 수 있다.

[0742] 제약 조성물은 HIV 감염의 예방 및/또는 치료에 사용될 수 있다. 제약 조성물은 단독 요법제로서 또는 표준 항-레트로바이러스 요법제와 조합되어 사용될 수 있다.

[0743] 일부 실시 양태에서, 본 발명은 환자에 있어서 HIV 감염을 예방 및/또는 치료하는 방법에 관한 것이다. 일부 실시 양태에서, 본 방법은 환자에게 본원에 개시된 결합 단백질들 중 적어도 하나의 치료적 유효량을 투여하는 단계를 포함한다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질은 항-레트로바이러스 요법제 (예를 들어, 항-HIV 요법제)와 조합되어 투여된다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질은 항-레트로바이러스 요법제 전에 투여된다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질은 항-레트로바이러스 요법제와 동시에 투여된다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질은 항-레트로바이러스 요법제 후에 투여된다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질은 본 기술 분야에 공지된 임의의 표준 항-레트로바이러스 요법제와 공동 투여된다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질의 투여는 하나 이상의 HIV 비리온의 중화로 이어진다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질의 투여는 환자에서의 하나 이상의 잠복적 및/또는 만성적 HIV-감염 세포의 제거로 이어진다. 일부 실시 양태에서, 상기 적어도 하나의 결합 단백질의 투여는 하나 이상의 HIV 비리온의 중화로 이어지며, 환자에서의 하나 이상의 잠복적 및/또는 만성적 HIV-감염 세포의 제거로 이어진다. 일부 실시 양태에서, 환자는 인간이다.

[0744] 본 발명을 제한하지 않고서, 본 발명의 다수의 실시 양태는 예시의 목적으로 하기에 기술된다.

[0745] 아이템 1: 하나 이상의 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0746] [화학식 I]

[0747] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0748] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0749] [화학식 II]

[0750] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0751] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0752] [화학식 III]

[0753] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0754] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0755] [화학식 IV]

[0756] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0757] 상기 식에서,

[0758] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0759] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0760] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0761] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0762] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0763] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0764] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0765] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0766] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0767] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하는, 결합 단백질.

[0768] 아이템 2: 하나 이상의 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0769] [화학식 I]

[0770] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0771] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0772] [화학식 II]

[0773] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0774] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0775] [화학식 III]

[0776] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0777] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0778] [화학식 IV]

[0779] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0780] 상기 식에서,

[0781] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0782] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0783] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0784] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0785] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0786] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0787] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0788] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0789] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[0790] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[0791] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[0792] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0793] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하는, 결합 단백질.

[0794] 아이템 3: 상기 하나 이상의 HIV 표적 단백질은 당단백질 120, 당단백질 41 및 당단백질 60으로 이루어진 군으로부터 선택되는, 아이템 1 또는 아이템 2의 결합 단백질.

[0795] 아이템 4: 3특이성이며, 단일 HIV 표적 단백질 상의 3개의 상이한 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있는, 아이템 1 또는 아이템 2의 결합 단백질.

[0796] 아이템 5: 3특이성이며, 제1 HIV 표적 단백질 상의 2개의 상이한 에피토프 및 제2 HIV 표적 단백질 상의 하나의 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있고, 여기서, 제1 및 제2 HIV 표적 단백질은 상이한, 아이템 1 또는 아이템 2의 결합 단백질.

[0797] 아이템 6: 3특이성이며, 3개의 상이한 항원 표적에 특이적으로 결합할 수 있는, 아이템 1 또는 아이템 2의 결합 단백질.

[0798] 아이템 7: 하나 이상의 HIV 표적 단백질의 기능을 저해할 수 있는, 아이템 1 또는 아이템 2의 결합 단백질.

[0799] 아이템 8: V_{L1}은 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 7 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 278, 279 및 280으로 개시된 서열.

[0800] 아이템 9: V_{L1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 7 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521.

[0801] 아이템 10: V_{L1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 9 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521.

[0802] 아이템 11: V_{L2}는 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 7 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 278, 279 및 280으로 개시된 서열.

[0803] 아이템 12: V_{L2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 10 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521.

[0804] 아이템 13: V_{L2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 12 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521.

[0805] 아이템 14: V_{L3}은 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 13 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 278, 279 및 280으로 개시된 서

열.

[0806] 아이템 15: V_{L3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 13 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521.

[0807] 아이템 16: V_{L3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 15 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 및 521.

[0808] 아이템 17: V_{H1}은 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 16 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 499, 261 및 262로 개시된 서열.

[0809] 아이템 18: V_{H1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 16 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508.

[0810] 아이템 19: V_{H1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 18 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508.

[0811] 아이템 20: V_{H2}는 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 19 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 499, 261 및 262로 개시된 서열.

[0812] 아이템 21: V_{H2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 19 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508.

[0813] 아이템 22: V_{H2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 21 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508.

[0814] 아이템 23: V_{H3}은 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 22 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 499, 261 및 262로 개시된 서열.

[0815] 아이템 24: V_{H3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 22 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508.

[0816] 아이템 25: V_{H3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 24 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 및 508.

[0817] 아이템 26: V_{L1}은 서열 번호 500의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 501의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 274의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 275의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 277의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 266의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 267의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 268의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 254의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 255의 서열을 포함하는 CDR-H2,

및 서열 번호 256의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 257의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 248의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 497의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 250의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 25 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0818] 아이템 27: V_{L1}은 서열 번호 518의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 512의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 502의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 25 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0819] 아이템 28: V_{L1}은 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 512의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 502의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 27 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0820] 아이템 29: V_{L1}은 서열 번호 500의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 501의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 274의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 275의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 277의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 254의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 255의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 256의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 257의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 25 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0821] 아이템 30: V_{L1}은 서열 번호 518의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 25 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0822] 아이템 31: V_{L1}은 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 25 및 아이템 29 및 아이템 30 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0823] 아이템 32: V_{L1}은 서열 번호 275의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 276의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열

번호 277의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 500의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 501의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 274의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 257의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 258의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 259의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 254의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 255의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 256의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 25 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0824] 아이템 33: V_{L1}은 서열 번호 519의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 518의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 506의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 504의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 25 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0825] 아이템 34: V_{L1}은 서열 번호 519의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 518의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 506의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 504의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 25 및 아이템 32 및 아이템 33 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0826] 아이템 35: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하는, 아이템 1의 결합 단백질.

[0827] 아이템 36: 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하는, 아이템 1의 결합 단백질.

[0828] 아이템 37: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V인, 아이템 1의 결합 단백질.

[0829] 아이템 38: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인, 아이템 1의 결합 단백질.

[0830] 아이템 39: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로

불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 및 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인, 아이템 1, 아이템 37 및 아이템 38 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0831] 아이템 40: 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V인, 아이템 2의 결합 단백질.

[0832] 아이템 41: 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인, 아이템 2의 결합 단백질.

[0833] 아이템 42: 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인, 아이템 2, 아이템 40 및 아이템 41 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0834] 아이템 43: L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산인, 아이템 1 또는 아이템 2의 결합 단백질.

[0835] 아이템 44: L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산인, 아이템 1 또는 아이템 2의 결합 단백질.

[0836] 아이템 45: L_1은 Asp-Lys-Thr-His-Thr (서열 번호 525)을 포함하는, 아이템 1 내지 아이템 44 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0837] 아이템 46: 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0838] [화학식 I]

[0839] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0840] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0841] [화학식 II]

[0842] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0843] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0844] [화학식 III]

[0845] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0846] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0847] [화학식 IV]

[0848] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0849] 상기 식에서,

[0850] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0851] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0852] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0853] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0854] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0855] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0856] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0857] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0858] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0859] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[0860] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 2, 4, 10, 12, 18, 20, 26, 28, 34, 36, 42, 44, 50, 52, 58, 60, 66, 68, 74, 76, 82, 84, 90, 92, 98, 100, 106, 108, 114, 116, 122, 124, 130, 132, 138, 140, 146, 148, 154, 156, 162, 164, 170, 172, 178, 180, 186, 188, 194, 196, 202, 204, 210,212, 218, 220, 226, 228, 233, 235, 241, 243 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0861] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 283 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[0862] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 1, 3, 9, 11, 17, 10, 25, 27, 33, 35, 41, 43, 49, 51, 57, 59, 65, 67, 73, 75, 81, 83, 89, 91, 97, 99, 105, 107, 113, 115, 121, 123, 129, 131, 137, 139, 145, 147, 153, 155, 161, 163, 169, 171, 177, 179, 185, 187, 193, 195, 201, 203, 209, 211, 217, 219, 225, 227, 232, 234, 240, 242 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0863] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 265 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함하는, 결합 단백질.

[0864] 아이템 47: 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0865] [화학식 I]

[0866] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0867] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0868] [화학식 II]

[0869] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0870] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0871] [화학식 III]

[0872] V_{H3}- C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0873] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0874] [화학식 IV]

[0875] V_{L3}- C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0876] 상기 식에서,

[0877] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0878] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0879] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0880] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0881] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0882] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0883] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0884] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0885] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[0886] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[0887] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[0888] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0889] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[0890] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 2, 4, 10, 12, 18, 20, 26, 28, 34, 36, 42, 44, 50, 52, 58, 60, 66, 68, 74, 76, 82, 84, 90, 92, 98, 100, 106, 108, 114, 116, 122, 124, 130, 132, 138, 140, 146, 148, 154, 156, 162, 164, 170, 172, 178, 180, 186, 188, 194, 196, 202, 204, 210,212, 218, 220, 226, 228, 233, 235, 241, 243 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0891] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 283 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[0892] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 1, 3, 9, 11, 17, 10, 25, 27, 33, 35, 41, 43, 49, 51, 57, 59, 65, 67, 73, 75, 81, 83, 89, 91, 97, 99, 105, 107, 113, 115, 121, 123, 129, 131, 137, 139, 145, 147, 153, 155, 161, 163, 169, 171, 177, 179, 185, 187, 193, 195, 201, 203, 209, 211, 217, 219, 225, 227, 232, 234, 240, 242 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[0893] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 265 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함하는, 결합 단백질.

[0894] 아이템 48: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하는, 아이템 46의 결합 단백질.

[0895] 아이템 49: 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하는, 아이템 46의 결합 단백질.

[0896] 아이템 50: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V인, 아이템 46의 결합 단백질.

[0897] 아이템 51: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인, 아이템 46의 결합 단백질.

[0898] 아이템 52: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 및 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인, 아이템 46, 아이템 50 및 아이템 51 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0899] 아이템 53: 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V인, 아이템 47의 결합 단백질.

[0900] 아이템 54: 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인, 아이템 47의 결합 단백질.

[0901] 아이템 55: 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인, 아이템 47, 아이템 53 및 아이템 54 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0902] 아이템 56: L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산인, 아이템 46 또는 아이템 47의 결합 단백질.

[0903] 아이템 57: L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산인, 아이템 46 또는 아이템 47의 결합 단백질.

[0904] 아이템 58: L_1은 Asp-Lys-Thr-His-Thr (서열 번호 525)을 포함하는, 아이템 46 내지 아이템 57 중 어느 하나의 결합 단백질.

[0905] 아이템 59: 제1 폴리펩티드 사슬, 제2 폴리펩티드 사슬, 제3 폴리펩티드 사슬 및 제4 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서,

[0906] (a) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 4의 아미노산 서열 또는 서열 번호 4의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 3의 아미노산 서열 또는 서열 번호 3의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 1의 아미노산 서열 또는 서열 번호 1의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 2의 아미노산 서열 또는 서열 번호 2의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0907] (b) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 12의 아미노산 서열 또는 서열 번호 12의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 11의 아미노산 서열 또는 서열 번호 11의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 9의 아미노산 서열 또는 서열 번호 9의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 10의 아미노산 서열 또는 서열 번호 10의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0908] (c) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 20의 아미노산 서열 또는 서열 번호 20의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 19의 아미노산 서열 또는 서열 번호 19의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 17의 아미노산 서열 또는 서열 번호 17의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 18의 아미노산 서열 또는 서열 번호 18의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0909] (d) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 28의 아미노산 서열 또는 서열 번호 28의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 27의 아미노산 서열 또는 서열 번호 27의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 25의 아미노산 서열 또는 서열 번호 25의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 26의 아미노산 서열 또는 서열 번호 26의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0910] (e) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 36의 아미노산 서열 또는 서열 번호 36의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 35의 아미노산 서열 또는 서열 번호 35의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 33의 아미노산 서열 또는 서열 번호 33의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 34의 아미노산 서열 또는 서열 번호 34의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0911] (f) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 44의 아미노산 서열 또는 서열 번호 44의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 43의 아미노산 서열 또는 서열 번호 43의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 41의 아미노산 서열 또는 서열 번호 41의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 42의 아미노산 서열 또는 서열 번호 42의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0912] (g) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 52의 아미노산 서열 또는 서열 번호 52의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 51의 아미노산 서열 또는 서열 번호 51의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 49의 아미노산 서열 또는 서열 번호 49의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 50의 아미노산 서열 또는 서열 번호 50의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0913] (h) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 60의 아미노산 서열 또는 서열 번호 60의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 59의 아미노산 서열 또는 서열 번호 59의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 57의 아미노산 서열 또는 서열 번호 57의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 58의 아미노산 서열 또는 서열 번호 58의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0914] (i) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 68의 아미노산 서열 또는 서열 번호 68의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 67의 아미노산 서열 또는 서열 번호 67의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 65의 아미노산 서열 또는 서열 번호 65의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 66의 아미노산 서열 또는 서열 번호 66의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0915] (j) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 76의 아미노산 서열 또는 서열 번호 76의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 75의 아미노산 서열 또는 서열 번호 75의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 73의 아미노산 서열 또는 서열 번호 73의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 74의 아미노산 서열 또는 서열 번호 74의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0916] (k) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 84의 아미노산 서열 또는 서열 번호 84의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 83의 아미노산 서열 또는 서열 번호 83의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 81의 아미노산 서열 또는 서열 번호 81의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 82의 아미노산 서열 또는 서열 번호 82의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0917] (l) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 92의 아미노산 서열 또는 서열 번호 92의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 91의 아미노산 서열 또는 서열 번호 91의 아미

노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 89의 아미노산 서열 또는 서열 번호 89의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 90의 아미노산 서열 또는 서열 번호 90의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0918] (m) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 100의 아미노산 서열 또는 서열 번호 100의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 99의 아미노산 서열 또는 서열 번호 99의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 97의 아미노산 서열 또는 서열 번호 97의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 98의 아미노산 서열 또는 서열 번호 98의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0919] (n) 제1 폴리펩티드는 서열 번호 108의 아미노산 서열 또는 서열 번호 108의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 107의 아미노산 서열 또는 서열 번호 107의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 105의 아미노산 서열 또는 서열 번호 105의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 106의 아미노산 서열 또는 서열 번호 106의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0920] (o) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 116의 아미노산 서열 또는 서열 번호 116의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 115의 아미노산 서열 또는 서열 번호 115의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 113의 아미노산 서열 또는 서열 번호 113의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 114의 아미노산 서열 또는 서열 번호 114의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0921] (p) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 124의 아미노산 서열 또는 서열 번호 124의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 123의 아미노산 서열 또는 서열 번호 123의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 121의 아미노산 서열 또는 서열 번호 121의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 122의 아미노산 서열 또는 서열 번호 122의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0922] (q) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 132의 아미노산 서열 또는 서열 번호 132의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 131의 아미노산 서열 또는 서열 번호 131의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 129의 아미노산 서열 또는 서열 번호 129의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 130의 아미노산 서열 또는 서열 번호 130의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0923] (r) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 140의 아미노산 서열 또는 서열 번호 140의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 139의 아미노산 서열 또는 서열 번호 139의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 137의 아미노산 서열 또는 서열 번호 137의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 138의 아미노산 서열 또는 서열 번호 138의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0924] (s) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 148의 아미노산 서열 또는 서열 번호 148의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 147의 아미노산 서열 또는 서열 번호 147의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 145의 아미노산 서열 또는 서열 번호 145의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 146의 아미노산 서열 또는 서열 번호 146의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0925] (t) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 156의 아미노산 서열 또는 서열 번호 156의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 155의 아미노산 서열 또는 서열 번호 155의

아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 153의 아미노산 서열 또는 서열 번호 153의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 154의 아미노산 서열 또는 서열 번호 154의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0926] (u) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 164의 아미노산 서열 또는 서열 번호 164의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 163의 아미노산 서열 또는 서열 번호 163의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 161의 아미노산 서열 또는 서열 번호 161의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 162의 아미노산 서열 또는 서열 번호 162의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0927] (v) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 172의 아미노산 서열 또는 서열 번호 172의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 171의 아미노산 서열 또는 서열 번호 171의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 169의 아미노산 서열 또는 서열 번호 169의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 170의 아미노산 서열 또는 서열 번호 170의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0928] (w) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 180의 아미노산 서열 또는 서열 번호 180의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 179의 아미노산 서열 또는 서열 번호 179의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 177의 아미노산 서열 또는 서열 번호 177의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 178의 아미노산 서열 또는 서열 번호 178의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0929] (x) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 188의 아미노산 서열 또는 서열 번호 188의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 187의 아미노산 서열 또는 서열 번호 187의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 185의 아미노산 서열 또는 서열 번호 185의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 186의 아미노산 서열 또는 서열 번호 186의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0930] (y) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 196의 아미노산 서열 또는 서열 번호 196의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 195의 아미노산 서열 또는 서열 번호 195의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 193의 아미노산 서열 또는 서열 번호 193의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 194의 아미노산 서열 또는 서열 번호 194의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0931] (z) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 204의 아미노산 서열 또는 서열 번호 204의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 203의 아미노산 서열 또는 서열 번호 203의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 201의 아미노산 서열 또는 서열 번호 201의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 202의 아미노산 서열 또는 서열 번호 202의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0932] (aa) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 212의 아미노산 서열 또는 서열 번호 212의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 211의 아미노산 서열 또는 서열 번호 211의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 209의 아미노산 서열 또는 서열 번호 209의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 210의 아미노산 서열 또는 서열 번호 210의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0933] (bb) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 220의 아미노산 서열 또는 서열 번호 220의 아미노산 서열과 95% 이상

동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 219의 아미노산 서열 또는 서열 번호 219의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 217의 아미노산 서열 또는 서열 번호 217의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 218의 아미노산 서열 또는 서열 번호 218의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0934] (cc) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 228의 아미노산 서열 또는 서열 번호 228의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 227의 아미노산 서열 또는 서열 번호 227의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 225의 아미노산 서열 또는 서열 번호 225의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 226의 아미노산 서열 또는 서열 번호 226의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[0935] (dd) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 235의 아미노산 서열 또는 서열 번호 235의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 234의 아미노산 서열 또는 서열 번호 234의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 232의 아미노산 서열 또는 서열 번호 232의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 233의 아미노산 서열 또는 서열 번호 233의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나; 또는

[0936] (ee) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 243의 아미노산 서열 또는 서열 번호 243의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 242의 아미노산 서열 또는 서열 번호 242의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 240의 아미노산 서열 또는 서열 번호 240의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 241의 아미노산 서열 또는 서열 번호 241의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 결합 단백질.

[0937] 아이템 60: 하나 이상의 HIV 표적 단백질 및 하나 이상의 T 세포 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0938] [화학식 I]

[0939] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0940] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0941] [화학식 II]

[0942] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0943] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0944] [화학식 III]

[0945] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[0946] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0947] [화학식 IV]

[0948] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0949] 상기 식에서,

[0950] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0951] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0952] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0953] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0954] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0955] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0956] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0957] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0958] L_1, L_2, L_3, 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0959] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하는, 결합 단백질.

[0960] 아이템 61: 하나 이상의 HIV 표적 단백질 및 하나 이상의 T 세포 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[0961] [화학식 I]

[0962] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0963] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[0964] [화학식 II]

[0965] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0966] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[0967] [화학식 III]

[0968] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[0969] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[0970] [화학식 IV]

[0971] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[0972] 상기 식에서,

[0973] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0974] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0975] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[0976] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0977] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0978] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[0979] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[0980] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[0981] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[0982] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[0983] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[0984] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[0985] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하는, 결합 단백질.

[0986] 아이템 62: 상기 하나 이상의 HIV 표적 단백질은 당단백질 120, 당단백질 41 및 당단백질 160으로 이루어진 군으로부터 선택되는, 아이템 60 또는 아이템 61의 결합 단백질.

[0987] 아이템 63: 상기 하나 이상의 T 세포 표적 단백질은 CD3 또는 CD28인, 아이템 60 또는 아이템 61의 결합 단백질.

[0988] 아이템 64: 3특이성이며, 하나의 HIV 표적 단백질과, 단일 T 세포 표적 단백질 상의 2가지의 상이한 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있는, 아이템 60 또는 아이템 61의 결합 단백질.

[0989] 아이템 65: 3특이성이며, 하나의 HIV 표적 단백질 및 2가지의 상이한 T 세포 표적 단백질에 특이적으로 결합할 수 있는, 아이템 60 또는 아이템 61의 결합 단백질.

[0990] 아이템 66: 3특이성이며, 하나의 T 세포 표적 단백질과, 단일 HIV 표적 단백질 상의 2가지의 상이한 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있는, 아이템 60 또는 아이템 61의 결합 단백질.

[0991] 아이템 67: 3특이성이며, 하나의 T 세포 표적 단백질 및 2가지의 상이한 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합할 수 있는, 아이템 60 또는 아이템 61의 결합 단백질.

[0992] 아이템 68: 제1 및 제2 폴리펩티드 사슬은 2가지의 T 세포 표적 단백질을 특이적으로 표적화하는 2개의 항원 결합 부위를 형성하며, 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬은 HIV 표적 단백질에 특이적으로 결합하는 항원 결합 부위를 형성하는, 아이템 60 또는 아이템 61의 결합 단백질.

[0993] 아이템 69: V_{L1}은 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 68 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 278, 279, 및 280으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 488, 489, 및 490으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 491, 492, 및 493으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 494, 495 및 496으로 개시된 서열.

[0994] 아이템 70: V_{L1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 68 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.

[0995] 아이템 71: V_{L1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 70 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.

[0996] 아이템 72: V_{L2}는 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 71 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 278, 279, 및 280으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 488, 489, 및 490으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 491, 492, 및 493으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 494, 495 및 496으로 개시된 서열.

[0997] 아이템 73: V_{L2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 71 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.

[0998] 아이템 74: V_{L2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 70 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.

[0999] 아이템 75: V_{L3}은 하기 서열을 포함하는 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 74 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 266, 267, 및 268로 개시된 서열; 각각 서열 번호 269, 270, 및 271로 개시된 서열; 각각 서열 번호 500, 501, 및 274로 개시된 서열; 각각 서열 번호 275, 276, 및 277로 개시된 서열; 각각 서열 번호 281, 282, 및 283으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 278, 279, 및 280으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 488, 489, 및 490으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 491, 492, 및 493으로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 494, 495 및 496으로 개시된 서열.

[1000] 아이템 76: V_{L3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 74 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.

[1001] 아이템 77: V_{L3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 76 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 및 524.

[1002] 아이템 78: V_{H1}은 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 77 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 각각 서열 번호 499, 261, 및 262로 개시된 서열; 각각 서열 번호 479, 480, 및 481로 개시된 서열; 각각 서열 번호 482, 483, 및 484로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 485, 486 및 487로 개시된 서열.

[1003] 아이템 79: V_{H1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 77 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511.

[1004] 아이템 80: V_{H1}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 79 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511.

[1005] 아이템 81: V_{H2}는 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 80 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 각각 서열 번호 499, 261, 및 262로 개시된 서열; 각각 서열 번호 479, 480, 및 481로 개시된 서열; 각각 서열 번호 482, 483, 및 484로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 485, 486 및 487로 개시된 서열.

[1006] 아이템 82: V_{H2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 80 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511.

[1007] 아이템 83: V_{H2}는 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 82 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511.

[1008] 아이템 84: V_{H3}은 하기 서열을 포함하는 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 83 중 어느 하나의 결합 단백질: 각각 서열 번호 248, 497, 및 250으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 251, 252, 및 253으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 256으로 개시된 서열; 각각 서열 번호 254, 255, 및 498로 개시된 서열; 각각 서열 번호 257, 258, 및 259로 개시된 서열; 각각 서열 번호 263, 264, 및 265로 개시된 서열; 각각 서열 번호 499, 261, 및 262로 개시된 서열; 각각 서열 번호 479, 480, 및 481로 개시된 서열; 각각 서열 번호 482, 483, 및 484로 개시된 서열; 또는 각각 서열 번호 485, 486 및 487로 개시된 서열.

[1009] 아이템 85: V_{H3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-

H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 83 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511.

[1010] 아이템 86: V_{H3}은 하기 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 85 중 어느 하나의 결합 단백질: 서열 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 및 511.

[1011] 아이템 87: V_{L1}은 서열 번호 488의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 489의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 490의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 494의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 495의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 496의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 479의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 480의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 481의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 485의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 486의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 487의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 86 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1012] 아이템 88: V_{L1}은 서열 번호 522의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 524의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 509의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 511의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 86 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1013] 아이템 89: V_{L1}은 서열 번호 522의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 524의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 509의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 511의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 88 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1014] 아이템 90: V_{L1}은 서열 번호 494의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 495의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 496의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 488의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 489의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 490의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 269의 서열을 포함하는 CDR-L1, 서열 번호 270의 서열을 포함하는 CDR-L2, 및 서열 번호 271의 서열을 포함하는 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 485의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 486의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 487의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 479의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 480의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 481의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 251의 서열을 포함하는 CDR-H1, 서열 번호 252의 서열을 포함하는 CDR-H2, 및 서열 번호 253의 서열을 포함하는 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 86 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1015] 아이템 91: V_{L1}은 서열 번호 524의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 522의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 경쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인의 CDR-L1, CDR-L2, 및 CDR-L3을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 511의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 509의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중

쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 중쇄 가변 도메인 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인의 CDR-H1, CDR-H2, 및 CDR-H3을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 86 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1016] 아이템 92: V_{L1}은 서열 번호 524의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L2}는 서열 번호 522의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{L3}은 서열 번호 513의 서열을 포함하는 경쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H1}은 서열 번호 511의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H2}는 서열 번호 509의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하며; V_{H3}은 서열 번호 503의 서열을 포함하는 중쇄 가변 도메인을 포함하는, 아이템 60 내지 아이템 86 및 아이템 90 및 아이템 91 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1017] 아이템 93: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하는, 아이템 60의 결합 단백질.

[1018] 아이템 94: 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하는, 아이템 60의 결합 단백질.

[1019] 아이템 95: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V인, 아이템 60의 결합 단백질.

[1020] 아이템 96: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인, 아이템 60의 결합 단백질.

[1021] 아이템 97: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 및 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인, 아이템 60, 아이템 95 및 아이템 96 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1022] 아이템 98: 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V인, 아이템 61의 결합 단백질.

[1023] 아이템 99: 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인, 아이템 61의 결합 단백질.

[1024] 아이템 100: 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인, 아이템 61, 아이템 98 및 아이템 99 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1025] 아이템 101: L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산인, 아이템 60 또는 아이템 61의 결합 단백질.

[1026] 아이템 102: L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산인, 아이템 60 또는 아이템 61의 결합 단백질.

[1027] 아이템 103: L_1은 Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299)인, 아이템 60 내지 아이템 102 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1028] 아이템 104: 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[1029] [화학식 I]

[1030] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[1031] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[1032] [화학식 II]

[1033] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[1034] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[1035] [화학식 III]

[1036] V_{H3}-C_{H1}로 표시되는 구조를 포함하며;

[1037] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[1038] [화학식 IV]

[1039] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[1040] 상기 식에서,

[1041] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[1042] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[1043] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[1044] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[1045] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[1046] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[1047] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[1048] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[1049] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[1050] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[1051] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 303, 305, 311, 313, 319, 321, 327, 329, 335, 337, 343,

345, 351, 353, 359, 361, 367, 369, 375, 377, 383, 385, 391, 393, 399, 401, 407, 409, 415, 417, 423, 425, 431, 433, 439, 441, 447, 449, 455, 457, 463, 465, 471, 473 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[1052] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 271, 275 내지 277, 488 내지 496 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[1053] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 302, 304, 310, 312, 318, 320, 326, 328, 334, 336, 342, 344, 350, 352, 358, 360, 366, 368, 374, 376, 382, 384, 390, 392, 398, 400, 406, 408, 414, 416, 422, 424, 430, 432, 438, 440, 446, 448, 454, 456, 462, 464, 470, 472 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[1054] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 253, 257 내지 259, 479 내지 487 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함하는, 결합 단백질.

[1055] 아이템 105: 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서, 제1 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 I:

[1056] [화학식 I]

[1057] V_{L2}- L_1-V_{L1}- L_2-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[1058] 제2 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 II:

[1059] [화학식 II]

[1060] V_{H1}- L_3-V_{H2}- L_4-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[1061] 제3 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 III:

[1062] [화학식 III]

[1063] V_{H3}-C_{H1}-힌지-C_{H2}-C_{H3}으로 표시되는 구조를 포함하며;

[1064] 제4 폴리펩티드 사슬은 하기 화학식 IV:

[1065] [화학식 IV]

[1066] V_{L3}-C_L로 표시되는 구조를 포함하며;

[1067] 상기 식에서,

[1068] V_{L1}은 제1 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[1069] V_{L2}는 제2 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[1070] V_{L3}은 제3 면역글로불린 경쇄 가변 도메인이며;

[1071] V_{H1}은 제1 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[1072] V_{H2}는 제2 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[1073] V_{H3}은 제3 면역글로불린 중쇄 가변 도메인이며;

[1074] C_L은 면역글로불린 경쇄 불변 도메인이며;

[1075] C_{H1}은 면역글로불린 C_{H1} 중쇄 불변 도메인이며;

[1076] C_{H2}는 면역글로불린 C_{H2} 중쇄 불변 도메인이며;

[1077] C_{H3}은 면역글로불린 C_{H3} 중쇄 불변 도메인이며;

[1078] 힌지는 C_{H1} 및 C_{H2} 도메인을 연결하는 면역글로불린 힌지 영역이며;

[1079] L_1, L_2, L_3 및 L_4는 아미노산 링커이며;

[1080] 화학식 I의 폴리펩티드와 화학식 II의 폴리펩티드는 교차 경쇄-중쇄 쌍을 형성하며;

[1081] (a) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 303, 305, 311, 313, 319, 321, 327, 329, 335, 337, 343, 345, 351, 353, 359, 361, 367, 369, 375, 377, 383, 385, 391, 393, 399, 401, 407, 409, 415, 417, 423, 425, 431, 433, 439, 441, 447, 449, 455, 457, 463, 465, 471, 473 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[1082] (b) V_{L1}, V_{L2} 및 V_{L3}은 각각 독립적으로 서열 번호 266 내지 271, 275 내지 277, 488 내지 496 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 경쇄 상보성 결정 영역을 포함하며;

[1083] (a) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 302, 304, 310, 312, 318, 320, 326, 328, 334, 336, 342, 344, 350, 352, 358, 360, 366, 368, 374, 376, 382, 384, 390, 392, 398, 400, 406, 408, 414, 416, 422, 424, 430, 432, 438, 440, 446, 448, 454, 456, 462, 464, 470, 472 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열로부터 유래된 가변 도메인이거나; 또는

[1084] (b) V_{H1}, V_{H2} 및 V_{H3}은 각각 독립적으로 서열 번호 248 내지 253, 257 내지 259, 479 내지 487 중 어느 하나로 개시된 아미노산 서열을 포함하는 가변 도메인의 중쇄 상보성 결정 영역을 포함하는, 결합 단백질.

[1085] 아이템 106: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하는, 아이템 104의 결합 단백질.

[1086] 아이템 107: 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하는, 아이템 104의 결합 단백질.

[1087] 아이템 108: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V인, 아이템 104의 결합 단백질.

[1088] 아이템 109: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인, 아이템 104의 결합 단백질.

[1089] 아이템 110: 제2 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제1 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제1 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 제3 폴리펩티드 사슬은 C_{H1}에 연결된 제2 Fc 영역을 추가로 포함하며, 상기 제2 Fc 영역은 면역글로불린 힌지 영역 및 C_{H2} 및 C_{H3} 면역글로불린 중쇄 불변 도메인을 포함하고, 여기서, 제1 및 제2 Fc 영역은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인, 아이템 104, 아이템 108 및 아이템 109 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1090] 아이템 111: 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는

위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V인, 아이템 105의 결합 단백질.

[1091] 아이템 112: 제2 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 349, 366, 368, 및 407에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 Y349C, T366S, L368A, 및 Y407V이고; 제3 폴리펩티드 사슬의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 354 및 366에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 S354C 및 T366W인, 아이템 105의 결합 단백질.

[1092] 아이템 113: 제2 및 제3 폴리펩티드 사슬 둘 다의 C_{H3} 도메인은 EU 인덱스에 따른 인간 IgG1의 위치 428 및 434에 상응하는 위치에서의 아미노산 치환을 포함하며, 여기서, 상기 아미노산 치환은 M428L 및 N434S인, 아이템 105, 아이템 111 및 아이템 112 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1093] 아이템 114: L_1, L_2, L_3, 또는 L_4 중 적어도 하나는 독립적으로 길이가 0개의 아미노산인, 아이템 104 또는 아이템 105의 결합 단백질.

[1094] 아이템 115: L_1, L_2, L_3, 또는 L_4는 각각 독립적으로 길이가 1개 이상의 아미노산인, 아이템 104 또는 아이템 105의 결합 단백질.

[1095] 아이템 116: L_1은 Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (서열 번호 299)인, 아이템 104 내지 아이템 115 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1096] 아이템 117: 제1 폴리펩티드 사슬, 제2 폴리펩티드 사슬, 제3 폴리펩티드 사슬 및 제4 폴리펩티드 사슬을 포함하는 결합 단백질로서, 여기서,

[1097] (a) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 305의 아미노산 서열 또는 서열 번호 305의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 304의 아미노산 서열 또는 서열 번호 304의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 302의 아미노산 서열 또는 서열 번호 302의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 303의 아미노산 서열 또는 서열 번호 303의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1098] (b) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 313의 아미노산 서열 또는 서열 번호 313의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 312의 아미노산 서열 또는 서열 번호 312의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 310의 아미노산 서열 또는 서열 번호 310의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 311의 아미노산 서열 또는 서열 번호 311의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1099] (c) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 321의 아미노산 서열 또는 서열 번호 321의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 320의 아미노산 서열 또는 서열 번호 320의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 318의 아미노산 서열 또는 서열 번호 318의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 319의 아미노산 서열 또는 서열 번호 319의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1100] (d) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 329의 아미노산 서열 또는 서열 번호 329의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 328의 아미노산 서열 또는 서열 번호 328의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 326의 아미노산 서열 또는 서열 번호 326의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 327의 아미노산 서열 또는 서열 번호 327의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1101] (e) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 337의 아미노산 서열 또는 서열 번호 337의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 336의 아미노산 서열 또는 서열 번호 336의

아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 334의 아미노산 서열 또는 서열 번호 334의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 335의 아미노산 서열 또는 서열 번호 335의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1102] (f) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 345의 아미노산 서열 또는 서열 번호 345의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 344의 아미노산 서열 또는 서열 번호 344의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 342의 아미노산 서열 또는 서열 번호 342의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 343의 아미노산 서열 또는 서열 번호 343의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1103] (g) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 353의 아미노산 서열 또는 서열 번호 353의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 352의 아미노산 서열 또는 서열 번호 352의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 350의 아미노산 서열 또는 서열 번호 350의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 351의 아미노산 서열 또는 서열 번호 351의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1104] (h) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 361의 아미노산 서열 또는 서열 번호 361의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 360의 아미노산 서열 또는 서열 번호 360의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 358의 아미노산 서열 또는 서열 번호 358의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 359의 아미노산 서열 또는 서열 번호 359의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1105] (i) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 369의 아미노산 서열 또는 서열 번호 369의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 368의 아미노산 서열 또는 서열 번호 368의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 366의 아미노산 서열 또는 서열 번호 366의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 367의 아미노산 서열 또는 서열 번호 367의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1106] (j) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 377의 아미노산 서열 또는 서열 번호 377의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 376의 아미노산 서열 또는 서열 번호 376의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 374의 아미노산 서열 또는 서열 번호 374의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 375의 아미노산 서열 또는 서열 번호 375의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1107] (k) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 385의 아미노산 서열 또는 서열 번호 385의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 384의 아미노산 서열 또는 서열 번호 384의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 382의 아미노산 서열 또는 서열 번호 382의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 383의 아미노산 서열 또는 서열 번호 383의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1108] (l) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 393의 아미노산 서열 또는 서열 번호 393의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 392의 아미노산 서열 또는 서열 번호 392의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 390의 아미노산 서열 또는 서열 번호 390의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 391의 아미노산 서열 또는 서열 번호 391의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1109] (m) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 401의 아미노산 서열 또는 서열 번호 401의 아미노산 서열과 95% 이상 동

일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 400의 아미노산 서열 또는 서열 번호 400의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 398의 아미노산 서열 또는 서열 번호 398의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 399의 아미노산 서열 또는 서열 번호 399의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1110] (n) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 409의 아미노산 서열 또는 서열 번호 409의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 408의 아미노산 서열 또는 서열 번호 408의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 406의 아미노산 서열 또는 서열 번호 406의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 407의 아미노산 서열 또는 서열 번호 407의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1111] (p) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 417의 아미노산 서열 또는 서열 번호 417의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 416의 아미노산 서열 또는 서열 번호 416의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 414의 아미노산 서열 또는 서열 번호 414의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 415의 아미노산 서열 또는 서열 번호 415의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1112] (q) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 425의 아미노산 서열 또는 서열 번호 425의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 424의 아미노산 서열 또는 서열 번호 424의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 422의 아미노산 서열 또는 서열 번호 422의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 423의 아미노산 서열 또는 서열 번호 423의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1113] (r) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 433의 아미노산 서열 또는 서열 번호 433의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 432의 아미노산 서열 또는 서열 번호 432의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 430의 아미노산 서열 또는 서열 번호 430의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 431의 아미노산 서열 또는 서열 번호 431의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1114] (s) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 441의 아미노산 서열 또는 서열 번호 441의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 440의 아미노산 서열 또는 서열 번호 440의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 438의 아미노산 서열 또는 서열 번호 438의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 439의 아미노산 서열 또는 서열 번호 439의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1115] (t) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 449의 아미노산 서열 또는 서열 번호 449의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 448의 아미노산 서열 또는 서열 번호 448의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 446의 아미노산 서열 또는 서열 번호 446의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 447의 아미노산 서열 또는 서열 번호 447의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1116] (u) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 457의 아미노산 서열 또는 서열 번호 457의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 456의 아미노산 서열 또는 서열 번호 456의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 454의 아미노산 서열 또는 서열 번호 454의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 455의 아미노산 서열 또는 서열 번호 455의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나;

[1117] (v) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 465의 아미노산 서열 또는 서열 번호 465의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 464의 아미노산 서열 또는 서열 번호 464의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 462의 아미노산 서열 또는 서열 번호 462의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 463의 아미노산 서열 또는 서열 번호 463의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하거나; 또는

[1118] (w) 제1 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 473의 아미노산 서열 또는 서열 번호 473의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제2 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 472의 아미노산 서열 또는 서열 번호 472의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제3 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 470의 아미노산 서열 또는 서열 번호 470의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하며; 제4 폴리펩티드 사슬은 서열 번호 471의 아미노산 서열 또는 서열 번호 471의 아미노산 서열과 95% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 결합 단백질.

[1119] 아이템 118: 아이템 1 내지 아이템 117 중 어느 하나의 결합 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 단리된 핵산 분자.

[1120] 아이템 119: 아이템 118의 핵산 분자를 포함하는 발현 벡터.

[1121] 아이템 120: 아이템 118의 핵산 분자를 포함하는 단리된 숙주 세포.

[1122] 아이템 121: 아이템 119의 발현 벡터를 포함하는 단리된 숙주 세포.

[1123] 아이템 122: 포유류 세포 또는 곤충 세포인, 아이템 120 또는 아이템 121의 단리된 숙주 세포.

[1124] 아이템 123: 아이템 1 내지 아이템 117 중 어느 하나의 결합 단백질의 제1, 제2, 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 하나 이상의 벡터를 포함하는 벡터 시스템.

[1125] 아이템 124: 결합 단백질의 제1 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 결합 단백질의 제2 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터, 결합 단백질의 제3 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제3 벡터, 및 결합 단백질의 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제4 벡터를 포함하는, 아이템 123의 벡터 시스템.

[1126] 아이템 125: 결합 단백질의 제1 및 제2 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제1 벡터, 및 결합 단백질의 제3 및 제4 폴리펩티드 사슬을 코딩하는 제2 벡터를 포함하는, 아이템 123의 벡터 시스템.

[1127] 아이템 126: 상기 하나 이상의 벡터는 발현 벡터인, 아이템 123 내지 아이템 125 중 어느 하나의 벡터 시스템.

[1128] 아이템 127: 아이템 123 내지 아이템 126 중 어느 하나의 벡터 시스템을 포함하는 단리된 숙주 세포.

[1129] 아이템 128: 포유류 세포 또는 곤충 세포인, 아이템 127의 단리된 숙주 세포.

[1130] 아이템 129: 결합 단백질의 제조 방법으로서,

[1131] a) 아이템 120 내지 아이템 122 및 아이템 127 및 아이템 128 중 어느 하나의 숙주 세포를, 상기 숙주 세포가 결합 단백질을 발현하도록 하는 조건 하에 배양하는 단계; 및

[1132] b) 결합 단백질을 숙주 세포로부터 단리하는 단계를 포함하는, 결합 단백질의 제조 방법.

[1133] 아이템 130: 환자에게 아이템 1 내지 아이템 117 중 어느 하나의 1가지 이상의 결합 단백질의 치료적 유효량을 투여하는 단계를 포함하는, 환자에서의 HIV 감염의 예방 및/또는 치료 방법.

[1134] 아이템 131: 결합 단백질을 표준 항-레트로바이러스 요법제와 함께 공동 투여하는, 아이템 130의 방법.

[1135] 아이템 132: 상기 1가지 이상의 결합 단백질의 투여는 하나 이상의 HIV 비리온의 중화로 이어지는, 아이템 130 또는 아이템 131의 방법.

[1136] 아이템 133: 상기 1가지 이상의 결합 단백질의 투여는 환자에서의 하나 이상의 잠복적 및/또는 만성적 HIV-감염 세포의 제거로 이어지는, 아이템 130 내지 아이템 132 중 어느 하나의 방법.

[1137] 아이템 134: 환자는 인간인, 아이템 130 내지 아이템 133 중 어느 하나의 방법.

[1138] 아이템 135: 환자에서의 HIV 감염의 예방 또는 치료를 위한, 아이템 1 내지 아이템 117 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1139] 아이템 136: 표준 항-레트로바이러스 요법제와 함께 공동 투여되는, 아이템 135의 결합 단백질.

[1140] 아이템 137: 환자에서 하나 이상의 HIV 비리온의 중화를 야기하는, 아이템 135 또는 아이템 136의 결합 단백질.

[1141] 아이템 138: 환자에서 하나 이상의 잠복적 및/또는 만성적 HIV-감염 세포의 제거를 야기하는, 아이템 135 내지 아이템 137 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1142] 아이템 139: 환자는 인간인, 아이템 135 내지 아이템 138 중 어느 하나의 결합 단백질.

[1143] 실시예

[1144] 하기 실시예는 본 발명의 특정 실시 양태 및 이의 다양한 용도를 예시하는 것이다. 본 실시예는 단지 설명 목적을 위하여 개시되며, 어떠한 방식으로든지 본 발명의 범주를 한정하는 것으로 해석되어서는 안된다.

[1145] **실시예 1: HIV-1 Env 당단백질을 표적화하는 3특이성 결합 단백질의 생성.**

[1146] HIV-1 엔벨로프 당단백질 (Env/gp160)은 바이러스 입자의 표면 상에 위치하며, 3가지의 비공유적으로 연결된 막관통 gp41 및 gp120 복합체를 포함하는 동종-삼량체로 구성된다. Env는 HIV의 주요 수용체 (CD4) 및 공동-수용체 (CCR5 또는 CXCR4)에의 gp120의 결합, 이어서 gp41에서의 입체배좌 변화에 의해 촉진된 바이러스/세포 막 융합의 유도에 의한 표적 세포내로의 바이러스 진입을 가능하게 하여, 숙주 세포 내로의 바이러스 캡시드의 진입 및 바이러스 게놈의 전달을 야기한다. 부가적으로, Env는 감염된 세포의 표면 상에서 발현된다.

[1147] Env는 HIV-1 비리온 상에서 중화 항체를 위한 유일한 표적으로 작용한다. 바이러스 Env에의 중화 항체의 결합은 바이러스 부착/진입을 저해한다. 더욱이, 감염된 HIV-1에 중화 항체가 결합하면, Env 발현 세포는 항체-의존성 세포-매개 세포독성(ADCC) 및 보체 의존성 세포독성(CDC)에 의한 그들의 파괴를 유도하여, 잠복성 바이러스 저장소의 감소를 야기한다. 따라서, Env를 표적화하는 중화 항체는 항-바이러스 치료법 개발을 위한 매력적인 분야이다. 그러나, HIV-1 바이러스의 높은 서열 다양성과 돌연변이율 때문에, Env를 표적화하는 중화 항체의 개발은, 주어진 HIV-1 주에서 임의의 주어진 중화 항체의 에피토프가 결핍되거나 그 균주가 돌연변이를 일으켜 항체에 저항성이 될 가능성이 높아서, 어려운 것으로 입증되었다. HIV-1을 표적화하는 새로운 중화 항체를 개발할 때 바이러스 주의 돌파를 완화시키기 위한 전략이 개발되어야 한다. 본원에 개시된 연구는 HIV Env 당단백질 상의 3가지 상이한 에피토프에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드를 포함하는 신규한 3특이성 결합 단백질의 개발 및 HIV-1의 중화에서 이들 신규한 3특이성 결합 단백질의 용도를 탐구한다.

[1148] 방법

[1149] *결합 단백질의 생산 및 정제*

[1150] 설계된 중쇄 및 경쇄 유전자를 포유류 발현 벡터 내로 삽입시켜 3특이성 결합 단백질을 발현하는 벡터를 구축하였다. 상응하는 중쇄 및 경쇄 쌍형성이 자발적으로 발생하였으며, Fc 영역에서 조작된 놉-인-홀(Knob-in-Hole) 돌연변이에 의해 이종이량체 형성이 촉진되었다.

[1151] 4가지 발현 플라스미드 (라이프 테크놀로지스(Life Technologies), Expi293™ 발현 시스템 키트, 카탈로그 번호 A14635)의 공동트랜스펙션에 의해 Expi293 세포에서 결합 단백질을 생산하였다. 결합 단백질은 2단계 정제 계획을 이용하여 정제하였다. 먼저, 결합 단백질을 단백질 A 친화성 크로마토그래피 수지 상에 포획시키고, 세척하고, 그 후 pH 3.0의 글리신에서 용출시켰다. 그 후 용출된 단백질을 PBS에서 투석시키고, 농축하고, 여과시켰다. 여과된 항체는 추가로 수퍼덱스(Superdex) 200 SEC 컬럼을 이용하여 정제하여 단량체성 결합 단백질을 수득하였다.

[1152] *결합 단백질의 친화성 측정*

[1153] 항-HIV 3특이성 결합 단백질의 결합 친화성은 비아코어 3000 기기 (지이 헬스케어(GE Healthcare))를 이용한 표면 플라스몬 공명(SPR)에 의해 측정하였다. 사용된 분석 완충제는 HBS-EP (지이 헬스케어)였다.

[1154] HIV-1 단백질 gp41 상의 MPER 결합 부위에 대한 표시된 단백질의 친화성은 다음과 같이 비아코어 기기를 이용한 표면 플라스몬 공명 (SPR) 분석에 의해 측정하였다: 결합 단백질을 먼저 항-인간 Fc 항체와 커플링된 CM5 칩 상에 포획시킨 후, 다양한 농도 (100 nM 내지 6.25 nM)의 MPER 결합 펩티드 (아세틸-RRRNEQELLELDKWASLWNWFDITNWLWYIRRR-Ttds-Lys-(비오틴)-NH_2) (서열 번호 284)를 30 μL/분에서 유통시키고, 25 ℃에서 비아코어 3000에서의 240초 동안의 결합 및 300초 동안의 해리의 측정에 의해 결합을 검출하였다. HBS-

EP 완충제를 러닝 완충제뿐만 아니라 샘플 희석을 위해 이용하였다. 칩의 재생을 30 μL/분에서 3 M $MgCl_2$를 이용하여 행하였다. 데이터 분석을 위하여, 비아(BIA) 평가 소프트웨어 v.4.1 (지이 헬스케어)를 이용하였다. 물질 전달(mass transfer)을 이용하여 1:1 랭뮤어 모델(Langmuir model)을 사용하여 데이터를 전체적으로 피팅시켰다. 소프트웨어를 기반으로 한 곡선 피팅 후, MPER 결합 펩티드의 각 농도에서 ON 및 OFF 율(ON and OFF rates)을 계산하여 각 결합 단백질에 있어서의 결합 친화성을 수득하는 데 이용하였다.

[1155] HIV-1 단백질 gp120 상의 CD4BS 결합 부위에 대한 표시된 단백질의 친화성을 다음과 같이 SPR에 의해 측정하였다: 재조합 HIV-1 gp120 (Thr27-Arg498) 단백질 (HIV-1/클레이드 B/C (CN54), 에이알씨오 바이오시스템즈(ARCO Biosystems) (카탈로그 번호 GP4-V15227))을 CM5 칩 상에 포획시키고, 다양한 농도 (100 nM 내지 6.25 nM)의 결합 단백질을 유통시키고, 25℃에서 비아코어 3000에서의 240초 동안의 결합 및 300초 동안의 해리의 측정에 의해 결합을 검출하였다. HBS-EP 완충제를 러닝 완충제뿐만 아니라 샘플 희석을 위해 이용하였다. 칩의 재생을 30 μL/분에서 3 M $MgCl_2$를 이용하여 행하였다. 데이터 분석을 위하여, 비아 평가 소프트웨어 v.4.1 (지이 헬스케어)를 이용하였다. 물질 전달을 이용하여 1:1 랭뮤어 모델을 사용하여 데이터를 전체적으로 피팅시켰다. 소프트웨어를 기반으로 한 곡선 피팅 후, 결합 펩티드의 각 농도에서 ON 및 OFF 율을 계산하여 각 결합 단백질을 위한 결합 친화성을 수득하는 데 이용하였다.

[1156] *입체배좌 안정성 및 응집 분석*

[1157] 3특이성 결합 단백질의 입체배좌 안정성은 융점 T_m 및 응집 시작 온도(T_{agg})를 결정하여 평가하였다.

[1158] 융점 T_m 측정은 시차 주사 형광측정법(DSF)에 의해 수행하였다. 샘플을 백색 세미-스커티드(semi-skirted) 96-웰 플레이트 (바이오라드(BIORAD))에서 D-PBS 내의 시프로(SYPRO)-오렌지 염료 (인비트로겐(Invitrogen), DMSO 내의 5000X 스톡)의 4X 농축액을 포함하는 μL 당 0.2 ㎍의 최종 농도까지 D-PBS 완충제 (인비트로겐)에서 희석시켰다. 모든 측정은 MyiQ2 실시간 PCR 기기 (바이오라드)를 이용하여 이중으로 이루어졌다. 용융 곡선의 네거티브 일차 도함수 곡선(Negative first derivative curves) (-d(RFU)/dT)을 iQ5 소프트웨어 v2.1 (바이오라드)에서 생성시켰다. 그 후 데이터를 T_m 결정 및 그래프 도시를 위해 엑셀로 내보냈다.

[1159] 융점 T_m 및 응집 시작 온도(T_{agg})는 또한 유닛(Unit) 기기 (언체인드 랩스 (Unchained Labs))를 이용하여 정적 광산란 (SLS)에 의해 측정하였다. 9 μL의 각 샘플을 희석하지 않고 다중큐벳 어레이 내로 로딩하였다. 그 후 샘플을 0.3℃/분의 가열 속도로 20℃에서 95℃까지 가열하였다. 트립토판 형광 스펙트럼의 무게중심 평균(barycentric mean) (BCM)을 이용하여 단백질 용융 곡선을 측정하고, T_m 값을 결정하였다. 266 nm 정적 광산란 (SLS) 신호를 이용하여 응집 곡선을 측정하고 T_{agg}을 결정하였다. 유닛 분석 소프트웨어 v2.1을 이용하여 데이터 분석을 수행하였다.

[1160] 결과

[1161] HIV-1에 대한 중화 항체 효능을 개선하는 한편, 부수적으로 높은 서열 다양성 및/또는 바이러스 돌연변이로 인한 바이러스 돌파 가능성을 제한하기 위한 새로운 전략이 개발되었다. 이 전략은 HIV Env 당단백질 상의 3가지 상이한 에피토프에 특이적으로 결합하는 3개의 항원 결합 부위를 형성하는 4개의 폴리펩티드를 포함하는 3특이성 결합 단백질의 생성에 관련되었다 (도 1). 각각의 항원 결합 부위는 Env 당단백질 상의 특유한 에피토프를 표적화하는 상이한 HIV-1 중화 항체로부터의 V_H 및 V_L 도메인을 포함하였다. 3특이성 결합 단백질은 2개의 특유한 항원 결합 부위를 형성하는 교차 배향을 가진 이중 가변 도메인(CODV Ig 포맷으로 불림)을 보유하는 제1 폴리펩티드 쌍, 및 각각이 제3 항원 결합 부위를 형성하는 단일 가변 도메인을 가진 제2 폴리펩티드 쌍을 함유하였다 (**도 1a 및 1b**).

[1162] 제1 폴리펩티드 쌍 (이는 이중 가변 도메인을 보유함)은 구조 V_{L2}-링커-V_{L1}-링커-면역글로불린 경쇄 불변 도메인을 가진 제1 폴리펩티드, 및 구조 V_{H1}-링커-V_{H2}-링커-면역글로불린 C_{H1}, 힌지, C_{H2}, 및 C_{H3} 중쇄 불변 도메인을 가진 제2 폴리펩티드를 포함하여, 2개의 특유한 항원 결합 부위:V_{H1}-V_{L1} 및 V_{H2}-V_{L2}를 형성하는 교차 배향을 가진 폴리펩티드 쌍을 생성한다 (**도 1c 및 1d**, 경쇄 및 중쇄 B 참고). 제2 폴리펩티드 쌍(각각이 단일 가변 도메인을 보유함)은 구조 V_{H3}-면역글로불린 C_{H1}, 힌지, C_{H2}, 및 C_{H3} 중쇄 불변 도메인을 가진 제1 폴리펩티드, 및 구조 V_{L3}-면역글로불린 경쇄 불변 도메인을 가진 제2 폴리펩티드를 포함하여, 제3 항원 결합 부위: V_{H3}-V_{L3}를 형성하는 폴리펩티드 쌍을 생성하였다 (**도 1c 및 1d**, 경쇄 및 중쇄 A 참고). 또한, 3특이성 결합 단백질은 LS 돌연변이를

포함하도록 구축하였다. 더욱이, 3특이성 결합 단백질은 하나의 결합 단백질내에서 하나의 C_{H3} 도메인이 놉 돌연변이를 포함하고 다른 C_{H3} 도메인이 홀 돌연변이를 포함하여 중쇄의 이종이량체화를 촉진하도록 구축하였다 (**도 1**).

[1163] 3가 결합 단백질 설계를 위한 상술한 방법을 이용하여, 3가지의 3특이성 결합 단백질 (결합 단백질 2, 3, 및 24)을 생성하였다. 이들 3특이성 결합 단백질은 3특이성 결합 단백질 프레임워크 상에 HIV-1 Env 당단백질 상의 3가지 특유한 에피토프를 표적화하는 항체: MPER Ab (gp41 상의 MPER 에피토프를 표적화함), CD4BS Ab "b" (gp120 상의 CD4 결합 부위를 표적화함), 및 V1/V2 유도된 Ab "a" (gp120 상의 V1/V2 도메인을 표적화함)로부터 단리된 V_H 및 V_L 도메인을 그래프팅함으로써 생성하였다. 결합 단백질 2는 제1 폴리펩티드 쌍 (이는 2개의 항원 결합 부위를 형성함)이 HIV-1 Env 당단백질 에피토프 MPER 및 V1/V2를 표적화하고, 제2 폴리펩티드 쌍(단일 항원 결합 부위를 형성함)이 HIV-1 Env 당단백질 에피토프 CD4BS를 표적화하도록 구축하였다 (결합 단백질 2 = MPER x V1/V2/CD4BS). 결합 단백질 3은 제1 폴리펩티드 쌍(이는 2개의 항원 결합 부위를 형성함)이 HIV-1 Env 당단백질 에피토프 V1/V2 및 MPER을 표적화하고, 제2 폴리펩티드 쌍 (이는 단일 항원 결합 부위를 형성함)이 HIV-1 Env 당단백질 에피토프 CD4BS를 표적화하도록 구축하였다 (결합 단백질 3 = V1/V2 x MPER/CD4BS). 결합 단백질 24는 제1 폴리펩티드 쌍(이는 2개의 항원 결합 부위를 형성함)이 HIV-1 Env 당단백질 에피토프 V1/V2 및 CD4BS를 표적화하고, 제2 폴리펩티드 쌍 (이는 단일 항원 결합 부위를 형성함)이 HIV-1 Env 당단백질 에피토프 MPER을 표적화하도록 구축하였다 (결합 단백질 24 = V1/V2 x CD4BS/MPER). 3가지 3특이성 결합 단백질 뿐만 아니라 그들의 모 항체를 단백질 A 친화성 수지(**도 2a 및 3a**), 이어서 크기 배제 크로마토그래피(**도 2b 및 3b**)에 의해 정제하여 추가 특징화에 적합한 단량체 단백질을 수득하였다. 모든 3가지 3특이성 결합 단백질이 안정하였으며 높은 빈도로 단량체를 형성하였다.

[1164] (3가지 대신) 2가지 상이한 HIV-1 Env 단백질 에피토프를 표적화하는 결합 단백질을 개발할 가능성을 시험하기 위하여, 3특이성 결합 단백질을 생성하기 위하여 사용된 동일한 모 항체로부터의 2가지 상이한 V_H 및 V_L 도메인을 이용하여, 상술한 CODV Ig 포맷 (국제 공개 제2012/135345호 참조)을 기반으로 하여 2특이성 결합 단백질을 설계하였다. 하지만, 이들 특정 가변 도메인을 가진 2특이성 결합 단백질은 단량체만큼 잘 정제되지 않아서, 상응하는 3특이성 결합 단백질과 비교할 때 상당히 증가된 응집체 형성을 나타냈다 (**도 4a 및 4b**).

[1165] 다음, 정제된 3특이성 결합 단백질 (및 그들의 모 항체)의 결합 친화성을 gp41 및 gp120 상의 HIV-1 Env 당단백질 에피토프에 대해 측정하였다. 먼저, 3가지 3특이성 결합 단백질 및 모 MPER 항체에 있어서, MPER 결합 펩티드를 이용한 비아코어 분석에 의해 gp41에 대한 결합 친화성을 측정하였다 (**도 5**). MPER 항체에 있어서의 결합 친화성은 18.7 nM로 결정되었다. 놀랍게도, 3가지 3특이성 결합 단백질은 모두 모 항체보다 MPER 결합 펩티드에 대해 더 높은 친화성을 가졌으며 (**표 3**), 결합 단백질 2가 MPER 항체보다 약 3.1배 더 높은 친화성을 가졌다 (각각 6.05 nM 대 18.7 nM).

[1166] [표 3]

MPER 결합 펩티드에 대한 친화도 측정

항체	피분석물	ka (1/Ms)	kd (1/s)	Rmax (RU)	KA (1/M)	KD (M)	Chi2	MPER MW (kDa)
MPER Ab	Gp41-MPER JPT	5.85E+04	1.09E-03	47.5	5.35E+07	1.87E-08	0.55	5.25
결합 단백질 2	Gp41-MPER JPT	1.15E+05	6.97E-04	29.0	1.65E+08	6.05E-09	0.27	2.29
결합 단백질 3	Gp41-MPER JPT	4.67E+04	7.79E-04	38.5	6.00E+07	1.67E-08	0.41	5.14
결합 단백질 24	Gp41-MPER JPT	6.28E+04	8.06E-04	35.5	7.80E+07	1.28E-08	0.48	5.24

[1167]

[1168] 이와 유사하게, gp120 상의 CD4 결합 부위에 대한 결합 친화성을 비아코어 분석에 의해 3가지 3특이성 결합 단백질 및 모 CD4BS 항체에 대해 측정하였다 (**도 6**). 3가지 3특이성 결합 단백질은 모두 모 항체와 비교할 때 CD4 결합 부위에 대해 유사한 친화성을 가졌다 (**표 4**).

[1169] [표 4]

CD4BS 결합 부위에 대한 친화도 측정

항체	ka (1/Ms)	kd (1/s)	Rmax (RU)	KD (M)	Chi2
CD4BS Ab "b"	2.79E+05	2.32E-04	31.4	8.30E-10	1.17
결합 단백질 2	2.31E+05	2.41E-04	34.0	1.04E-09	0.74
결합 단백질 3	7.58E+04	2.75E-04	38.2	3.63E-09	0.19
결합 단백질 24	1.46E+05	2.52E-04	41.6	1.73E-09	0.38

[1170]

[1171] 따라서, 3특이성 결합 단백질은 HIV-1 Env 당단백질 상의 테스트된 표적 에피토프 둘 다에 결합할 수 있었다 (**표 5**). 더욱이, 3가지 3특이성 결합 단백질 모두는 그들의 모 항체와 대략 동일하거나 그를 초과하는 친화성으로 표적 에피토프에 결합하였다. 3가지 3특이성 결합 단백질 2, 3 및 24 내의 V1/V2 유도된 Ab "a" 결합 부위뿐만 아니라 V1/V2 유도된 Ab "a"의 결합 친화성도 비아코어 분석에 의해 결정될 수 없었으며, 그 이유는 이것이 이용가능하지 않은 특정 gp120 단백질 항원을 필요로 하기 때문이었다.

[1172] [표 5]

테스트한 결합 단백질의 결합 능력의 요약

샘플	gp120 상에 결합?	gp41 상에 결합?
MPER Ab	아니오	예
CD4BS Ab "b"	예	아니오
V1/V2 유도된 Ab "a"	아니오	아니오
결합 단백질 2	예	예
결합 단백질 3	예	예
결합 단백질 24	예	예

[1173]

[1174] 3특이성 결합 단백질 및 모 항체를 위해 생물물리학적 특성을 시험하였다 (**표 6**). 테스트된 모든 단백질이 유사한 안정성 및 제한된 응집체 형성 성향을 가졌다.

[1175] [표 6]

결합 단백질의 입체배좌 안정성/응집성

샘플	DSF T_m (°C)	고유 AA Fluo T_m (°C)	266 nm 에서의 SLS T_{agg} (°C)
MPER Ab	69/75	68	71
CD4BS Ab "b"	69	66	68
V1/V2 유도된 Ab "a"	69	64	67
결합 단백질 2	60/70	54	58
결합 단백질 3	57/70	55	56
결합 단백질 24	56/71	53	54

[1176]

[1177] 이들 실험은 HIV-1 Env 당단백질 상의 3가지 특유한 에피토프를 표적화하는 안정한 단량체 3특이성 결합 단백질이 구축될 수 있으며 효율적으로 정제될 수 있음을 나타냈다. 또한, 3특이성 결합 단백질은 그들의 모 항체에 비하여 유사하거나 개선된 친화성을 가지면서, 그들의 표적 에피토프에 결합하는 능력을 보유하였다. 마지막으로, 3특이성 결합 단백질은 적합한 생물물리학적 특성을 가졌으며, 상응하는 2특이성 결합 단백질보다 상당히 적은 응집을 나타냈다.

[1178] **실시예 2: 결합 단백질의 특성화**

[1179] (실시예 1에 개시된 바와 같이) 적절한 생물물리학적 특성과 결합 능력을 가진 3가지 3특이성 결합 단백질 개발의 성공으로 인하여, 21가지의 추가적인 3특이성 결합 단백질을 개발하고 테스트하였다. 본원에 개시된 실험은 시험관 내에서 24가지 3특이성 결합 단백질이 HIV-1을 중화하는 능력 및 생체 내에서 많은 이들 3특이성 결합

단백질의 약동학적 특성을 탐구하였다.

[1180] 중화 분석은 Env-슈도타입(pseudotyped) 바이러스로 1회 감염시킨 후 HIV-1 Tat-조절된 반딧불이 루시퍼라아제(Luc) 리포터 유전자 발현의 감소 기능으로서 중화를 측정하는 TZM-bl 분석을 이용하여 수행하였다. 분석은 문헌[Marcella Sarzotti-Kelsoe et al., J. Immunological Methods, 409:131-146 (2014)]에 개시된 바와 같이 수행하였다. 다양한 항체의 중화 결과가 표 8 내지 표 10에 예시되어 있다.

[1181] 방법

[1182] *Env-슈도타입 바이러스의 생산*

[1183] Env-슈도타입 바이러스의 분석 스톡은, 두 가지 플라스미드: Env 발현 플라스미드 및 Env를 제외한 전체 HIV-1 게놈을 발현하는 플라스미드를 이용한 공동-트랜스펙션에 의해 293T/17 세포에서 생산하였다. 이들 플라스미드의 공동-트랜스펙션은 표적 세포 내로 Tat 유전자를 전달할 수 있는 감염성 슈도바이러스(pseudovirus) 입자를 생산하였으나, 이들 슈도비리온에 의한 감염은 감염성 바이러스 자손을 스스로 생산할 수 없었다.

[1184] *바이러스 중화 분석*

[1185] TZM-b1 세포 (JC53BL-13 세포로도 알려짐)를 이용한 HIV 감염의 중화를 이전에 개시된 바와 같이 수행하였다 (문헌[Marcella Sarzotti-Kelsoe et al., J. Immunological Methods, 409:131-146 (2014)]). 간략하게는, Env-슈도타입 HIV-1 비리온을 이용한 단일 라운드의 감염을 TZM-b1 세포 (CXCR-4-양성 HeLa 세포 클론)에서 수행하였다. CD4 및 CCR5를 발현하고 반딧불이 루시퍼라아제 및 이. 콜라이 β-갈락토시다아제를 위한 통합된 리포터 유전자를 HIV의 긴-말단 반복체의 제어 하에 함유하도록 TZM-b1 세포를 조작하였다. 리포터 유전자 발현은 단일 감염 사이클 직후 바이러스 Tat 단백질 (슈도타입 바이러스에 의해 전달됨)에 의해 인 트랜스(in trans)로 유도되었다. 루시퍼라아제 활성은 상대적 발광 단위 (RLU)로서 정량하였으며, 광범위한 값에 걸친 초기 접종물에 존재하는 감염성 바이러스 입자의 수에 직접적으로 비례하였다. 중화는 다양한 농도의 표시된 결합 단백질의 투여 후 감소된 Tat-조절된 반딧불이 루시퍼라아제(Luc) 리포터 유전자 발현의 함수로서 측정하였다. 중화 역치는 배경 RLU의 차감 후 바이러스 대조 웰과 비교하여 RLU가 80%만큼 감소된 단백질 희석률로서 확인하였다. 분석은 고 처리 용량을 위해 96-웰 플레이트에서 수행하였으며, 잘 특성화된 기준 주를 연구들 간의 균일성을 위해 이용하였다.

[1186] *약동학적 특성 (PK) 측정*

[1187] 3 내지 6 kg으로 칭량되는 암컷 인디안 히말라야 원숭이(Indian rhesus macaque)를 체중에 따른 군으로 무작위로 할당하고 (군 당 2마리의 원숭이), 표시된 농도의 결합 단백질을 정맥내로 주사하였다. 제0일에 주사 전, 그리고 주사 후 30분, 6시간, 1일, 2일, 4일, 7일, 14일, 21일 및 28일에 동물로부터 혈액을 취하였다. 각 결합 단백질의 혈청중 농도를 RSC3-기반 ELISA 분석을 이용하여 채취된 혈액으로부터의 혈장에서 정량하였다.

[1188] 결과

[1189] 3가지 특유한 HIV-1 Env 당단백질 에피토프를 표적화하는 21가지의 추가적인 3특이성 결합 단백질을 실시예 1에 개시된 바와 같이 생성하고 정제하였다. 이들 21가지의 추가적인 3특이성 결합 단백질 (결합 단백질 1 및 4 내지 23)은 HIV-1 Env 당단백질 상의 특유한 HIV-1 에피토프를 표적화하는 항체: 항-MPER 항체 *MPER Ab "a"* 및 *MPER Ab "b"* (gp41 상의 MPER 에피토프를 표적화함), 항-CD4BS 항체 *CD4BS Ab "a"* 및 *CD4BS Ab "b"* (gp120 상의 CD4 결합 부위를 표적화함), 항-V1/V2 항체 *V1/V2 유도된 Ab "a"* 및 *V1/V2 유도된 Ab "b"* (gp120 상의 V1/V2 도메인을 표적화함), 및 항-V3 항체 *V3 유도된 Ab* (gp120 상의 V3 루프를 표적화함)로부터 단리된 V_H 및 V_L 도메인을 3특이성 결합 단백질 프레임워크 상에 그래프팅하여 생성하였다 (**표 7**).

[1190] [표 7]

3특이성 결합 단백질의 에피토프 결합 부위 조성

결합 단백질:	에피토프 결합 부위:
1	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
2	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
3	V1/V2 유도됨 x MPER / CD4BS
4	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
5	MPER x V3 유도됨 / CD4BS
6	V1/V2 유도됨 x MPER / CD4BS
7	V3 유도됨 x V1/V2 유도됨 / CD4BS
8	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
9	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
10	V1/V2 유도됨 x MPER / CD4BS
11	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
12	MPER x V3 유도됨 / CD4BS
13	MPER x V3 유도됨 / V1/V2 유도됨
14	V1/V2 유도됨 x MPER / CD4BS
15	MPER x V3 유도됨 / V1/V2 유도됨
16	MPER x V3 유도됨 / CD4BS
17	V1/V2 유도됨 x V3 유도됨 / CD4BS
18	V3 유도됨 x MPER / CD4BS
19	V3 유도됨 x V1/V2 유도됨 / MPER
20	V3 유도됨 x V1/V2 유도됨 / CD4BS
21	MPER x CD4BS / V1/V2 유도됨
22	CD4BS x MPER / V1/V2 유도됨
23	CD4BS x V1/V2 유도됨 / MPER
24	V1/V2 유도됨 x CD4BS / MPER

[1191]

[1192] 다양한 농도의 5가지의 3특이성 결합 단백질 (및 그의 모 항체)의 바이러스 중화 능력을 208가지의 상이한 HIV-1 Env-슈도타입 바이러스의 패널에 대하여 테스트하였다 (**표 8**). 슈도타입 HIV-1 단리물의 결합 단백질-매개된 중화는 TZM-b1 루시퍼라아제 리포터 유전자 분석법을 이용하여 측정하였다. 각각의 결합 단백질의 저해 용량을, 감염 후 80%의 발광 감소를 야기한 희석물로서의 각각의 슈도타입 바이러스에 대하여 계산하였다 (IC_{80}). 놀랍게도, 테스트한 3특이성 결합 단백질 각각에 대하여 계산한 IC80 기하 평균은 모 항체보다 더 낮았으며, 이는 이러한 3특이성 결합 단백질이 슈도타입 HIV-1의 중화에서 그의 모 중화 항체보다 더 강력함을 시사하는 것이었다.

[1193] [표 8]

바이러스 중화 분석에 의한 IC_{80} 측정

	결합 단백질:						모 항체:				
	15	1	2	19	20	3	MPER Ab	V1/V2 유도된 Ab "a"	V3 유도된 Ab	CD4BS Ab "b"	CD4BS Ab "a"
바이러스 #	208	208	208	208	208	208	208	208	208	208	208
전체 대 중화된 것:											
IC_{80}<50 μg/mL	190	202	206	198	206	206	203	151	113	202	183
IC_{80}<10 μg/mL	180	199	206	180	206	206	193	149	109	200	175
IC_{80}<1.0 μg/mL	166	169	191	145	188	186	61	133	98	184	108
IC_{80}<0.1 μg/mL	122	109	136	80	144	123	10	99	72	79	10
IC_{80}<0.01 μg/mL	74	7	70	22	54	47	5	24	26	6	0
중화된 것에 대한 %:											
IC_{80}<50 μg/mL	91	97	99	95	99	99	98	73	54	97	88
IC_{80}<10 μg/mL	87	96	99	87	99	99	93	72	52	96	84
IC_{80}<1.0 μg/mL	80	81	92	70	90	89	29	64	47	88	52
IC_{80}<0.1 μg/mL	59	52	65	38	69	59	5	48	35	38	5
IC_{80}<0.01 μg/mL	36	3	34	11	26	23	2	12	13	3	0
중간 IC_{80}	0.033	0.088	0.026	0.164	0.029	0.045	1.69	0.037	0.054	0.149	0.780
기하 평균	0.033	0.135	0.028	0.199	0.034	0.051	1.34	0.063	0.057	0.144	0.814

[1194]

[1195] 다음, 다양한 농도의 3특이성 결합 단백질 (및 그의 모 항체)의 더 큰 패널의 바이러스 중화 능력을 10가지의 상이한 HIV-1 클레이드를 대표하는 20가지의 슈도타입 바이러스에 대하여 테스트하였다 (**표 9**). 3특이성 결합 단백질은 이러한 20가지의 바이러스에 의한 감염에 대하여 강한 보호를 제공하였다 (**표 10**).

[1196] [표 9]

바이러스 중화 분석에 이용한 20가지의 대표적인 바이러스

바이러스	클레이드
KER2008.12.SG3	A
620345.c1.SG3	AE
DJ263.8.SG3	AG
T266-60.SG3	AG
T278-50.SG3	AG
BL01.DG.SG3	B
BR07.DG.SG3	B
CNE57.SG3	B
H086.8.SG3	B
QH0692.42.SG3	B
SS1196.01.SG3	B
CNE21.SG3	BC
6471.V1.C16.SG3	C
CAP210.E8.SG3	C
DU156.12.SG3	C
DU422.01.SG3	C
TV1.29.SG3	C
ZM106.9.SG3	C
3817.v2.c59.SG3	CD
X2088.c9.SG3	G

[1197]

[1198] [표 10]

20 가지의 대표적인 바이러스의 바이러스 중화 분석에 의한 IC_{80} 측정

		전체 대 중화된 것		중화된 것에 대한 %			
	바이러스 #	IC_{80} <50 μg/mL	IC_{80} <1 μg/mL	IC_{80}<50 μg/mL	IC_{80} <1 μg/mL	중간 IC_{80}	기하 평균
결합 단백질 4	20	17	11	85	55	0.474	0.398
결합 단백질 5	20	14	11	70	55	0.199	0.324
결합 단백질 6	20	16	9	80	45	0.453	0.449
결합 단백질 7	20	16	9	80	45	0.523	0.312
결합 단백질 8	20	17	12	85	60	0.578	0.488
결합 단백질 9	20	14	9	70	45	0.836	0.531
결합 단백질 10	20	16	12	80	60	0.222	0.173
결합 단백질 11	20	18	15	90	75	0.310	0.181
결합 단백질 12	20	17	12	85	60	0.526	0.566
결합 단백질 13	20	19	12	95	60	0.202	0.189
결합 단백질 14	20	17	15	85	75	0.208	0.088
결합 단백질 15	20	17	10	85	50	0.345	0.378
결합 단백질 16	20	18	11	90	55	0.228	0.314
결합 단백질 17	20	17	12	85	60	0.086	0.180
결합 단백질 18	20	15	10	75	50	0.536	0.501
결합 단백질 19	20	18	11	90	55	0.563	0.538
결합 단백질 20	20	18	14	90	70	0.224	0.229
결합 단백질 21	20	15	9	75	45	0.627	0.501
결합 단백질 2	20	18	13	90	65	0.375	0.222
결합 단백질 22	20	13	8	65	40	0.856	0.634
결합 단백질 23	20	17	6	85	30	1.930	1.129
결합 단백질 3	20	18	12	90	60	0.469	0.287
결합 단백질 24	20	16	7	80	35	2.130	1.054
MPER Ab "a"	20	16	8	80	40	1.007	0.981
MPER Ab "b"	20	16	16	80	80	0.071	0.024
CD4BS Ab "b"	20	15	9	75	45	0.181	0.399
V1/V2 유도된 Ab "a"	20	11	9	55	45	0.060	0.094
V3 유도된 Ab	20	12	10	60	50	0.183	0.136
CD4BS Ab "a"	20	10	1	50	5	1.530	1.811
V1/V2 유도된 Ab "b"	20	9	9	45	45	0.051	0.039

[1199]

[1200] 마지막으로, 3특이성 결합 단백질 및 모 항체의 하위세트의 약동학적 특성 (PK)을 붉은 털 원숭이에서 테스트하였다. 간략하게는, 10 또는 20 mg/kg의 상기 단백질을 암컷 붉은 털 원숭이 내에 정맥내 주사하고, ELISA 분석을 주사 전 취한 혈액 샘플로부터의 혈장, 및 주사 후 많은 시점에서 취한 (42일까지) 혈액 샘플로부터의 혈장에서 수행하였다 (**도 7**). 모든 3특이성 결합 단백질을 정맥내 투여한지 적어도 14일 후에는 검출할 수 있었으며, 이때 결합 단백질 1은 주사한지 적어도 35일 후에 여전히 검출가능한 채로 있었고, 이는 결합 단백질이 생체 내에서 안정함을 보여주는 것이었다.

[1201] 종합하면, 이러한 데이터는 HIV-1 Env 당단백질 상의 3개의 특유한 에피토프를 표적화하는 광범위하게 중화시키는 3특이성 결합 단백질이 구축될 수 있음을 시사하였다. 이러한 결합 단백질은 모 중화 항체에 비하여 유사하거나 또는 증가된 효력/많이 향상된 중화 능력 (폭)을 보여주었다. 더욱이, 이러한 3특이성 결합 단백질은 생체 내에서 내용성이 좋은 것으로 보였다. 이론에 구애되고자 함이 없이, HIV 상의 다수의 에피토프를 표적화하는 광범위하게 중화시키는 3특이성 결합 단백질의 개발은 1특이성 또는 2특이성 항체에 비하여 향상된 항-바이러스 요법을 허용할 수 있으며, 그 이유는 HIV 바이러스 입자가 상기 중화 3특이성 결합 단백질 상의 모든 3개의 항원 결합 부위에 대하여 저항성일 가능성이 각각 1특이성 또는 2특이성 중화 항체 상의 단일 또는 이중 항원 결합 부위보다 더 적기 때문이다.

[1202] **실시예 3: T-세포 관여항체의 특성화.**

[1203] 상기에 나타낸 바와 같이, Env는 HIV-감염된 세포의 표면 상에서 발현된다. 이것 때문에, Env는 감염된 세포를 확인하기 위한 항체 표적으로 작용하고, 항체-의존성 세포-매개 세포독성(Antibody-Dependent Cell-Mediated

Cytotoxicity; ADCC) 및 보체 의존성 세포독성(Complement Dependent Cytotoxicity; CDC)을 유도하여 잠복성 바이러스 저장소를 감소시킬 수 있다. 본원에서 설명된 연구에서는 3가지의 상이한 항원 (HIV-1 Env 당단백질, CD3, 및 CD28)을 표적화하는 3개의 항원 결합 부위를 포함하는 신규한 3특이성 결합 단백질 ("T 세포 관여항체 " 로 칭해짐)의 개발을 탐구한다. 이러한 신규한 단백질은 중화 항체로부터의 항원 결합 부위를 포함할 뿐만 아니라, 이펙터 T 세포에 결합하는 능력도 포함하여 이것이 감염된 표적 세포에 근접해지게 함으로써 HIV-감염 세포의 용해를 유도한다.

[1204] 방법

[1205] *T-세포 관여항체의 결합 특성*

[1206] T-세포 관여항체의 결합 특성을 서양 고추냉이 퍼옥시다아제-콘쥬게이션된 항-Fab 프로브를 이용한 ELISA 분석법에 의해 측정하여 gp120의 재표면화 안정화 코어 3 (RSC3) 단백질, CD28, 또는 CD3으로 코팅된 ELISA 플레이트의 표면에의 T-세포 관여항체 결합을 탐지하였다. 미국 매사추세츠주 소재의 캠브리지 바이올로직스(Cambridge Biologics)로부터의 인간 CD3ge-hIgG4 (KIH) (카탈로그 번호 03-01-0051); 미국 매사추세츠주 소재의 캠브리지 바이올로직스로부터의 인간 CD28-hIgG4 (카탈로그 번호 03-01-0303).

[1207] *T-세포 활성화 분석*

[1208] CD4 및 CD8 T 세포 활성화를 하기와 같이 측정하였다: 말초 혈액 단핵구 세포(peripheral blood mononuclear cell; PBMC)를 자기 비드 (밀테니이 바이오테크(Miltenyi Biotec))를 이용하여 나이브(naïve) 공여자 (NIH 혈액 은행)로부터 얻은 백혈구 연층(buffy coat)으로부터 풍부화하였다. 이러한 세포를 브레펠딘 A를 포함하는 증가하는 농도의 결합 단백질 (0.01 내지 1.0 μg/mL)의 존재 하에 미감염 또는 HIV-1 감염 CEM 세포 중 어느 하나와 함께 14 내지 16시간 공동 배양하였다. 그 후, 상기 세포를 활성화 마커 (CD25 및 CD69) 및 T-세포 마커 (CD3, CD4, 및 CD8)의 표면 발현에 대하여 염색하고, 이어서 형광 콘쥬게이션 항체 (비디 바이오사이언시즈(BD Biosciences), 이바이오사이언시즈(eBiosciences), 바이오레전드(Biolegend))를 이용하여 사이토카인 (IFN-γ, TNF-α, 및 IL-2)에 대하여 세포내 염색하였다. 각각의 사이토카인 또는 활성화 마커를 발현하는 CD4 및 CD8 T 세포의 수는, LSRII 유동 세포 분석기(flow cytometer)에서 샘플을 러닝시키고 데이터를 플로우조(Flowjo) 소프트웨어 (트리스타(Treeestar))를 이용하여 분석함으로써 결정하였다.

[1209] *CD3 하향조절*

[1210] T-세포 관여항체에 의한 T 세포 활성화 후 CD3 하향조절을, 비-경쟁 마우스 항-인간 CD3 항체를 이용한 활성화 PBMC의 염색에 의해 측정하고, 유동 세포 분석법을 이용하여 정량화하였다.

[1211] *세포독성 분석*

[1212] CEM-BaL, ACH2, 및 J1.1 세포에 대한 T-세포 관여항체의 세포독성을 하기와 같이 유동 세포 분석법에 의해 모니터링하였다: 잠복성 세포주 (ACH2, J1.1, OM10)를 NIH 에이즈 시약 프로그램(AIDS Reagent Program)으로부터 얻었다. 이러한 세포의 활성화를 TNF-α (10 ng/mL)의 존재 또는 부재 하에 14 내지 16시간 동안 세포를 배양함으로써 수행하였다. 알로피코시아닌-콘쥬게이션된 항-HIV Env 항체 (2G12)를 이용하여 유동 세포 분석법에 의해 세포 표면 HIV 엔벨로프 당단백질의 발현을 결정함으로써 활성화를 측정하였다. CEM-IIIb, ACH2, J1.1 및 OM10 세포를 막 염색제 PKH-26 (시그마(Sigma))으로 표지하고 세포독성 분석에서 표적 세포로서 사용하였다. 이러한 표지된 표적 세포를 증가하는 양의 결합 단백질의 존재 하에 이펙터 세포로서 풍부화 인간 T 세포와 함께 10:1의 E:T의 비로 14 내지 16시간 동안 공동 배양하였다. 표적 세포에서의 세포 용해의 정도는, 생세포/죽은 세포 마커 (라이프 테크놀로지즈(Life technologies))로 염색하고, 표지된 표적 세포 집단에서의 죽은 세포의 수를 LSRII 유동 세포 분석기에서의 샘플의 러닝, 이어서 플로우조 소프트웨어 (트리스타)를 이용한 분석에 의해 측정함으로써 결정하였다.

[1213] 결과

[1214] 둘 다의 T 세포 표면 단백질을 표적화하고 HIV-1 상의 에피토프를 중화시키는 항원 결합 부위를 갖는 T 세포 관여항체를 생성하는 능력을 탐구하였다. 2가지의 상이한 T 세포 표면 수용체 (CD3 및 CD28)를 표적화하는 2개의 항원 결합 부위, 및 HIV-1 Env 당단백질을 표적화하는 제3 항원 결합 부위를 포함하는 T 세포 관여항체를 구축하였다 (**도 8a 및 8b**). 게다가, T 세포 관여항체를 LS 돌연변이를 포함하도록 구축하였다. 더욱이, 하나의 결합 단백질 내에서 하나의 CH3 도메인이 놉 돌연변이를 포함하고 다른 하나의 CH3 도메인이 홀 돌연변이를 포함하여 중쇄의 이종이량체화를 용이하게 하도록 T 세포 관여항체를 구축하였다 (**도 8a 및 8b**).

[1215] 이러한 접근법을 이용하여, T 세포 표면 단백질 및 HIV-1 Env 당단백질 둘 다를 표적화하는 2가지의 T 세포 관여항체 (결합 단백질 32 및 CD3 x CD28 / CD4BS "b" Ab)를 구축하였다.

[1216] 이러한 2가지의 T 세포 관여항체는, 3특이성 결합 단백질 프레임워크 상에 T 세포 표면 단백질 CD3 및 CD28을 표적화하는 모 항체, 및 항-HIV-1 항체 CD4BS Ab "b" (gp120 상의 CD4 결합 부위를 표적화함)로부터 단리한 VH 및 VL 도메인을 그래프팅함으로써 생성하였다. 제1 폴리펩티드 쌍 (이는 2개의 항원 결합 부위를 형성함)이 T 세포 표면 수용체 CD28 및 CD3을 표적화하고, 제2 폴리펩티드 쌍 (이는 단일 항원 결합 부위를 형성함)이 HIV-1 항원 CD4BS (결합 단백질 32 = CD28 x CD3 / CD4BS)를 표적화하도록 결합 단백질 32를 구축하였다. 제1 폴리펩티드 쌍 (이는 2개의 항원 결합 부위를 형성함)이 T 세포 표면 수용체 CD3 및 CD28을 표적화하고, 제2 폴리펩티드 쌍 (이는 단일 항원 결합 부위를 형성함)이 HIV-1 항원 CD4BS를 표적화도록 CD3 x CD28 / CD4BS "b" Ab 3특이성 결합 단백질을 구축하였다 (**표 11**).

[1217] [표 11]

T-세포 관여항체의 포맷

포맷	구축물의 명칭	아암(Arm) 1 항원	아암 2 항원	아암 3 항원
T 세포 관여항체, 3 특이성	CD3 x CD28 / CD4BS Ab "b"	CD4BS	CD3	CD28
T 세포 관여항체, 3 특이성	결합 단백질 32	CD4BS	CD28	CD3
1 특이성	CD4BS IgG4	CD4BS	CD4BS	-

[1218]

[1219] 상기 2가지의 T 세포 관여항체가 그의 3개의 표적 항원 각각에 결합하는 능력을 ELISA 분석법에 의해 테스트하였다. 상기 T 세포 관여항체들은 T 세포 관여항체들의 2특이성 아암 (즉, CD3 x CD28 / CD4BS Ab "b"의 경우 CD3 x CD28 또는 결합 단백질 32의 경우 CD28 x CD3)에 있어서 어느 하나의 배향의 CD3 및 CD28 항원 결합 부위에 의해 CD3 및 CD28 T 세포 표면 단백질 둘 다에 결합할 수 있었다. 상기 둘 다의 T 세포 관여항체는 또한 gp120에 결합할 수 있었다 (V1, V2, 및 V3 가변 영역이 결여된 gp120 변이체, HIV-1 RSC3 단백질을 사용하여 측정할 경우) (**도 9**).

[1220] 다음, T 세포 활성에 대한 영향을 상기 둘 다의 T 세포 관여항체에 대하여 테스트하였다. 상기 T 세포 관여항체들을 단핵구와 함께 인큐베이션하면, T 세포 관여항체들이 강한 CD8+ T 세포 활성화를 유도함이 나타났다 (**도 10**). 이와 유사하게, 상기 T 세포 관여항체들은 PBMC 단독, 또는 HIV-1 감염 T 세포주 CEM-NKr 세포 또는 CEM-BaL 세포 중 어느 하나와 함께 인큐베이션한 PBMC 상에서의 유의한 CD4+ T 세포 활성화의 유도가 가능하였다 (**도 11**). 부가적으로, 상기 둘 다의 T 세포 관여항체는 활성화 T 세포 상의 CD3의 세포 표면 발현을 감소시켰다 (**도 12**).

[1221] 마지막으로, 상기 T 세포 관여항체들이 HIV-감염 세포의 용해를 유도하는 능력을 테스트하였다. T 세포 관여항체들 (및 CD3 및 HIV 항원을 표적화하는 양성 및 음성 대조 2특이성 결합 단백질)을 HIV-1 감염 T 세포주 CEM-BaL 세포와 함께 인큐베이션하였다. T 세포 관여항체들을 감염 세포들과 함께 인큐베이션하는 것은 넓은 범위의 농도에 걸쳐 강한 세포 용해를 유도하였다 (**도 13의 A**). 마찬가지로, 이러한 T 세포 관여항체들의 인큐베이션은 잠복성 감염 T 세포주 ACH2 세포 (**도 13의 B**)와, J1.1 세포 (**도 13의 C**)의 용해를 유도하였다. 놀랍게도, T 세포 관여항체들은 2특이성 결합 단백질들과 비교할 때 만성적 및 잠복적 HIV-감염 세포주에 대하여 비견되거나 더 우수한 세포독성 활성을 나타냈다.

[1222] 종합하면, 본원에 개시된 신규한 T 세포 관여항체들은 HIV-감염 세포 상의 HIV-1 Env 당단백질 gp120 상의 그의 표적 항원과, 세포-표면 노출된 T 세포 단백질 CD3 및 CD28에 결합하는 그의 모 항체로부터의 능력을 유지하였다. T 세포 관여항체들은 강한 CD4+ 및 CD8+ T 세포 활성화를 유도하고, CD3 표면 발현을 감소시켰다. 마지막으로, 이러한 T 세포 관여항체들은 HIV-1 감염 세포의 유의한 용해를 유도하였다. 이론에 의해 구애되고자 함이 없이, 이러한 T 세포 관여항체들은 HIV/에이즈 환자에 있어서 T 세포 관여를 통하여 잠복성 바이러스 저장소를 감소시킴으로써/제거함으로써 항-바이러스 치료제에 대한 신규한 전략을 제공할 수 있다.

[1223] 본 발명은 다양한 실시 양태를 포함하지만, 변화 및 변경이 당업자에게 나타남이 이해된다. 따라서, 첨부된 청구범위는 본 발명의 범주 내에 있는 모든 그러한 동등한 변화를 커버하는 것으로 의도된다. 게다가, 본원에 사용된 섹션의 제목들은 단지 구조적 목적을 위한 것으로서, 기술된 주제를 제한하는 것으로 해석되지는 않는다.

[1224] 본원에 기술된 각각의 실시 양태는, 명백하게 반대로 지시되지 않는 한 임의의 다른 실시 양태(들)와 조합될 수

있다. 특히, 바람직하거나 유리한 것으로 나타낸 임의의 특징 또는 실시 양태는, 명백하게 반대로 지시되지 않는 한, 바람직하거나 유리한 것으로 나타낸 임의의 다른 특징(들) 또는 실시 양태(들)와 조합될 수 있다.

[1225] 본 출원에서 인용된 모든 참고 문헌은 분명히 본원에 참고로 포함된다.

[1226] 서열

[1227] [표 1]

결합 단백질 1 내지 53 의 중쇄 및 경쇄 서열 번호 및 결합 단백질이 유도되는 표적 항원

결합 단백질	서열 번호	표적
1	4, 3, 1, 2	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
2	12, 11, 9, 10	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
3	20, 19, 17, 18	V1/V2 유도됨 x MPER / CD4BS
4	28, 27, 25, 26	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
5	36, 35, 33, 34	MPER x V3 유도됨 / CD4BS
6	44, 43, 41, 42	V1/V2 유도됨 x MPER / CD4BS
7	52, 51, 49, 50	V3 유도됨 x V1/V2 유도됨 / CD4BS
8	60, 59, 57, 58	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
9	68, 67, 65, 66	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
10	76, 75, 73, 74	V1/V2 유도됨 x MPER / CD4BS
11	84, 83, 81, 82	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
12	92, 91, 89, 90	MPER x V3 유도됨 / CD4BS
13	100, 99, 97, 98	MPER x V3 유도됨 / V1/V2 유도됨
14	108, 107, 105, 106	V1/V2 유도됨 x MPER / CD4BS
15	116, 115, 113, 114	MPER x V3 유도됨 / V1/V2 유도됨
16	124, 123, 121, 122	MPER x V3 유도됨 / CD4BS
17	132, 131, 129, 130	V1/V2 유도됨 x V3 유도됨 / CD4BS
18	140, 139, 137, 138	V3 유도됨 x MPER / CD4BS
19	148, 147, 145, 146	V3 유도됨 x V1/V2 유도됨 / MPER
20	156, 155, 153, 154	V3 유도됨 x V1/V2 유도됨 / CD4BS
21	164, 163, 161, 162	MPER x CD4BS / V1/V2 유도됨
22	172, 171, 169, 170	CD4BS x MPER / V1/V2 유도됨
23	180, 179, 177, 178	CD4BS x V1/V2 유도됨 / MPER
24	188, 187, 185, 186	V1/V2 유도됨 x CD4BS / MPER
25	196, 195, 193, 194	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
26	204, 203, 201, 202	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
27	212, 211, 209, 210	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
28	220, 219, 217, 218	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
29	228, 227, 225, 226	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
30	235, 234, 232, 233	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS

[1228]

31	243, 242, 240, 241	MPER x V1/V2 유도됨 / CD4BS
32	305, 304, 302, 303	CD28 x CD3 / CD4BS
33	313, 312, 310, 311	CD28 x CD3 / CD4BS
34	321, 320, 318, 319	CD28 x CD3 / V1/V2 유도됨
35	329, 328, 326, 327	CD28 x CD3 / V1/V2 유도됨
36	337, 336, 334, 335	CD28 x CD3 / CD4BS
37	345, 344, 342, 343	CD28 x CD3 / CD4BS
38	353, 352, 350, 351	CD4BS x CD3 / CD28
39	361, 360, 358, 359	CD4BS x CD3 / CD28
40	369, 368, 366, 367	CD3 x CD4BS / CD28
41	377, 376, 374, 375	CD3 x CD4BS / CD28
42	385, 384, 382, 383	CD4BS x CD3 / CD28
43	393, 392, 390, 391	CD4BS x CD3 / CD28
44	401, 400, 398, 399	CD3 x CD4BS / CD28
45	409, 408, 406, 407	CD3 x CD4BS / CD28
46	417, 416, 414, 415	V1/V2 유도됨 x CD3 / CD28
47	425, 424, 422, 423	V1/V2 유도됨 x CD3 / CD28
48	433, 432, 430, 431	CD3 x V1/V2 유도됨 / CD28
49	441, 440, 438, 439	CD3 x V1/V2 유도됨 / CD28
50	449, 448, 446, 447	V1/V2 유도됨 x CD3 / CD28
51	457, 456, 454, 455	V1/V2 유도됨 x CD3 / CD28
52	465, 464, 462, 463	CD3 x V1/V2 유도됨 / CD28
53	473, 472, 470, 471	CD3 x V1/V2 유도됨 / CD28

[1229]

[1230] [표 2]

결합 단백질의 중쇄 및 경쇄 서열. CDR 서열은 볼드체의 이탤릭체임.

결합 단백질 1 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefi***dctln***wirlapgkrpewmg***wlkp rggavnyarplqg***rvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctr***gkncdynwdfeh***wgrgtpvivss**astkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgalt sgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnyktppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 1**
경쇄 A	Eivltqspgtlslspgetaiisc***rtsqygsla***wyqqrpgqaprlviy***sgstraa***gipdrf sgsrwgpdynltisnlesgdfgvyyc***qqyef***fgqgtkvqvdikr**tvaapsvfifpps deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsst ltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 2**
중쇄 B	Evrlvesggglvkpggslrlscsas***gfdfdnaw***mtwvrqppgkglewvg***ritgpg egwsv***dyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcar***tgkyydfwsgyp pgeeyfqd***wgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktyd llhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsg dtavyy***cakgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylsnlefw***gqgtavtvssdkt htastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav lqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcp apellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevh naktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakg qprepqvytlppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttpp vldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 3**
경쇄 B	Dfvltqsphslsvtpgesasisckss***hslihgdrnny***lawyvqkpgrspqlliy***las***s rasgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyy***cmqgrespwtf***gqgtkvdikdkt ht aseltqdpavsvalkqtvtitc***rgdslrshya***swyqkkpgqapvllfy***gknnrps***gi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyyc***ssrdksgsrlsv***fgggtkltvldkthtrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteq dskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 4**
결합 단백질 1 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcg gatcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcaccctgaactggatcaga ctggcccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggagc cgtgaactacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtacag cgataccgccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttct gcacccggggcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagaggc acccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgaccaagggccccagcgtgttccctctggccc ctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgca caccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgaca gtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagccca gcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacac ctgtccccctgtcctgcccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccccc aaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggt	**서열 번호 5**

[1231]

	ggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaa gtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggt ggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtg caaggtgtccaacaaggccctgcctgccccccatcgagaaaaccatcagcaagggccaa gggccagccccgcgaacccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctg accaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgc cgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctg tgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccgg tggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgctgcacgaggccctgcacagccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggc	
경쇄 A	Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagc catcatcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcc tggacaggccccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatcc ccgatagattcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacct ggaaagcggcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggc accaaggtgcaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcc cacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaa cttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcg gcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctg agcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctg cgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	**서열 번호 6**
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacctttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaaccctttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccag gtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtg tcctgcaaggccccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaaga aagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcacca acaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactg cgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcg ccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccaggg cacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcg gtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggct gcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccct gaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctca gcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgt gaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtga caaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtcagt cttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtca catgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgtt gacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaaca gcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaa ggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagcccccatcgagaaaaccat ctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatccc agcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaaga ccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtgg acaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctct	**서열 번호 7**

[1232]

	gcacagccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg gcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaa acccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcaga ctgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaatggccatctgg catccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccg gcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggct ccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatac ccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagt ccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagt gcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaa ggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgt ctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 8
결합 단백질 2 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqts***gytftahi***lfwfrqapgrglewvgw***ikpqy*** ***gav***nfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycar***drsygdsswalda*** wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepksed kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	서열 번호 9
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqts***qgvgsd***lhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgf***hts***fnltisdlqaddiatyyc***qvlqf***fgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltls kadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 10
중쇄 B	Evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsv kvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkak vtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwav dvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyi cnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdt lmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynsty rvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlp pcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgs fflyskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	서열 번호 11
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasiscksshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth taseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteq	서열 번호 12

[1233]

	dskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	
결합 단백질 2 의	**뉴클레오티드 서열**	
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggcccc tagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcac acctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagt gcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccag caacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacct gtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggccctccgtgttcctgttccccccaa agcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtgg atgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgc aaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag ggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctga ccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgcc gtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgt gctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggt ggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgctgcacgaggccctgcacagccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggc	**서열 번호 13**
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtga ccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaa gcctggcagagccccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgt gcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatc tgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggc agcagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctag cgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacc cccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacag ccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtga cccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 14**
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggagggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacctttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccag gtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtg tcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaaga aagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcacca acaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactg cgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcg ccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccaggg cacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcg gtcttcccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggct	**서열 번호 15**

[1234]

	gcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccct gaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctca gcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgt gaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtga caaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtcagt cttcctcttcccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccctgaggtca catgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgtt gacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaaca gcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaa ggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccat ctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatccc agcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaaga ccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtgg acaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctct gcacagccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg gcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaa acccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcaga ctgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaatagccatctgg catccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccg gcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggct ccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatac ccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagt ccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagt gcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaa ggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgt ctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 16
결합 단백질 3 의 아미노산 서열		
중쇄 A	rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqyg avnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswaldaw gqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgalts gvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkt htcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyv dgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiekt iskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpenny kttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	서열 번호 17
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltls kadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 18
중쇄 B	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmg wishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgsk lrlrdyalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtevrlves ggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgritgpgeg wsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyydfws gyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalg	서열 번호 19

[1235]

	clvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpsssl gtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	
경쇄 B	aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtdfvltqsphslsvtpgesasisckssqslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfyprealkvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 20
결합 단백질 3 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcggtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcagggccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgagatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggccccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacctgtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgccccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgctgcacgaggccctgcacagccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggc	서열 번호 21
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaagcctggcagagccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 22
중쇄 B	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgtcctgcaaggccccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgca	서열 번호 23

[1236]

	ctgggtgcgcagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcag ccacgagggcgacaagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgac catcgactgggacagaagcaccaacaccgcctacctgcagctgagcggcctg acctctggcgataccgccgtgtactactgcgccaagggcagcaagcaccggc tgagagactacgccctgtacgacgatgacggcgccctgaactgggccgtgga tgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgacc gtgtcatctgacaaaacccataccgaggttagactggtggagtcaggaggggg gcttgtgaagcccggtgggtctctccgcctgagctgttctgcctccggctttgatt tcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaagggactgga gtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtccgtggactacgc ggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaataccaagaatacctg tatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgcca gaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccccctggcgaggaatattt tcaagactggggtcagggaaccctgttatcgtgtcctccgataagacccacac cgcttccaccaagggcccatcggtcttcccctggcaccctcctccaagagcac ctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaac cggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacacctt cccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgt gccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagc ccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaact cacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggggaccgtcagtctt cctcttcccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggt cacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaact ggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggagga gcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccagg actggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctccca gccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgagaacca caggtgtacaccctgccccccatgccgggatgagctgaccaagaatcaagtcag cctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggga gagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctgga ctccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtg gcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctctgcacagcc actacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactat tacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcagaagaaaccc ggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccg accgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccggcgccca ggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagact gagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgacaaaacccatacgacttc gtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccagcatc agctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggt acgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagag ccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaa gatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagag agagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggataagacccata cccgtacggtggccgctccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaa gtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaa gtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtga ccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagc aaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcct gtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 24**

[1237]

결합 단백질 4 의 아미노산 서열		
중쇄 A	qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkpr ggavnyarplqgrvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctrgkncdynwdfehw grgtpvivssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgalts gvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkt htcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyv dgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiekt iskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpenny kttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	서열 번호 25
경쇄 A	Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqygslawyqqrpgqaprlviysgstraagipdrf sgsrwgpdynltisnlesgdfgvyycqqyeffgqgtkvqvdikrtvaapsvfifpps deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsst ltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 26
중쇄 B	evrlvesgglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgri tgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgts vkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfka kvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwa vdvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalg clvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqt yicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpk dtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqyns tyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvyt lppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsd gsfflysklvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	서열 번호 27
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth taseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteq dskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 28
결합 단백질 4 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcg gatcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcaccctgaactggatcaga ctggcccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggagc cgtgaactacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtacag cgataccgccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttct gcacccggggcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagaggc acccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgaccaagggccccagcgtgttccctctggccc ctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgca caccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgaca gtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagccca gcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacac ctgtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccccc aaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggt ggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaa gtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggt ggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtg caaggtgtccaacaaggccctgcctgccccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaa gggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctg	서열 번호 29

[1238]

	accaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgc cgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctg tgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccgg tggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggc	
경쇄 A	Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagc catcatcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcc tggacaggccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatcc ccgatagattcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacct ggaaagcggcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggc accaaggtgcaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcc cacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaa cttctaccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcg gcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctg agcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctg cgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	서열 번호 30
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtggggctatccccctggcgaggaata ttttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacca ggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggt gtcctgcaaggccccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcag cgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaag aaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcacc aacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactact gcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggc gccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagg gcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatc ggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctggg ctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgcc ctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccct cagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaac gtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtg acaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctggggggaccgtcag tcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccctgaggtca catgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgtt gacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaaca gcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaa ggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccat ctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatccc agcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaaga ccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtgg acaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctct gcacagccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	서열 번호 31
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg gcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca	서열 번호 32

[1239]

	ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaa acccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcaga ctgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctgg catccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccg gcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggct ccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatac ccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagt ccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagt gcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaa ggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgt ctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 5의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkpr ggavnyarplqgrvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctrgkncdynwdfelhw grgtpvivssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgalts gvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkt htcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyv dgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiekt iskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpenny kttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 33**
경쇄 A	Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqygslawyqqrpgqaprlviysgstraagipdrfs gsrwgpdynltisnlesgdfgvyycqqyeffgqgtkvqvdikrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 34**
중쇄 B	Evrlvesgglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqmqlqesgpglvkpse tlsltcsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvhksgdtnyspslksrvnl sldtsknqvslslvaataadsgkyycartlhgrriygivafnewftyfymdvw gngtqvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtv swnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntk vdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcv vvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqd wlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltknqv slwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflysklтvdks rwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 35**
경쇄 B	Sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgsp dspfgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtaseltqdp avsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaapsvfifp psdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysls stltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 36**
결합 단백질 5의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	Caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgc ggatcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcacccctgaactggatcag actggcccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggag	**서열 번호 37**

[1240]

[1241]

	ccgtgaactacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtaca gcgataccgccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttc tgcacccggggcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagagg caccctgtgatcgtgtcaagc gcgtcgaccaagggccccagcgtgttccctctggcccctagcagcaagagcacatct ggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgacc gtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgca gtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagctctctggg cacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaa gaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacctgtccccctgtcctgcccc cgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctg atgatcagccggaccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccacgaggac cctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagacca agccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgc tgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaaggccc tgcctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgaaccc caggtgtgcacactgccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctg agctgtgccgtgaaaggcttctaccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacg gccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcat tcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggtggcagcagggcaacgtgttc agctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgagc ctgagccccggc	
경쇄 A	Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagc catcatcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcc tggacaggcccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatcc ccgatagattcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacct ggaaagcggcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggc accaaggtgcaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcc cacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaa cttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcg gcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctg agcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctg cgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	**서열 번호 38**
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacctttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtggggctatcccccctggcgaggaata ttttcaagactggggtcagggaaccccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacca gatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgagcc tgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcagga ggagccctggcaagggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgacacc aactacagccccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaagaacc aggtgagcctgtccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactgtgc caggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttcacc tacttctacatggacgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgataaga cccacaccgcttccaccaagggcccatcggtcttcccccctggcaccctcctccaagag cacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaacc ggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggc tgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagca gcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggt	**서열 번호 39**

	ggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgccca gcacctgaactcctgggggaccgtcagtcttcctcttcccccaaaacccaaggaca ccctcatgatctcccggaccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacga agaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaaga caaagccgcgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcacc gtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaa gccctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgaga accacaggtgtacaccctgcccccatgccgggatgagctgaccaagaatcaagtcag cctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagc aatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacgg ctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaac gtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcct ctccctgtctccgggt	
경쇄 B	tccgacatcagcgtggccccggagagacagccaggatctcctgcggcgagaagag cctgggaagcagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacaggctcccagcc tgatcatctacaacaccaggacaggcccagcggcatccctgagaggttcagcggaa gccccgacagccccttcggaaccacagccaccctgaccatcacaagcgtggaagcc ggcgacgaggccgactactactgccacatctgggacagcagggtgcccaccaagtg ggtgtttggcggcggcaccaccctgaccgtgctggacaaaacccatacccgcatccga actgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattacttgccg aggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcagaagaaacccggccaggc acctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttc tggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccggcgcccaggctgagga cgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttc ggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatacccgtacggtggccgct cccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgt cgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaag gactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaag cacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaag agcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 40**
결합 단백질 6 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkpr ggavnyarplqgrvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctrgkncdynwdfehw grgtpvivssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgalts gvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkt htcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyv dgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiekt iskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpenny kttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 41**
경쇄 A	Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqygslawyqqrpgqaprlviysgstraagipdrfs gsrwgpdynltisnlesgdfgvyycqqyeffgqgtkvqvdikrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 42**
중쇄 B	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmg wishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgsk hrlrdyalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtevrlves ggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgritgpgeg wsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyydfw wgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaa	**서열 번호 43**

[1242]

	lgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgt qtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppk pkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqy nstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepq vytlppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvl dsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	
경쇄 B	Aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtdfv ltqsphslsvtpgesasisckssqslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasg vpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteq dskdstyslssltltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 44**
결합 단백질 6의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcg gatcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcaccctgaactggatcaga ctggcccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggagc cgtgaactacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtacag cgataccgccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttct gcacccggggcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagaggc acccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgaccaagggccccagcgtgttccctctggccc ctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgca caccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgaca gtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagccca gcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacac ctgtccccctgtcctgcccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccccc aaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggt ggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaa gtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggt ggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtg caaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaa gggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctg accaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccctccgatatcgc cgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctg tgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccgg tggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggc	**서열 번호 45**
경쇄 A	gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagcc atcatcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcct ggacaggcccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatccc cgatagattcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacctg gaaagcggcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggca ccaaggtgcaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccc acctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaac ttctaccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcgg caacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctga gcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgc gaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	**서열 번호 46**
중쇄 B	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaa ggtgtcctgcaaggccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcg	**서열 번호 47**

[1243]

	cagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgac aagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagc accaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtact actgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgac ggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggcc agggcacagccgtgaccgtgtcatctgacaaaacccataccgaggttagactggtgga gtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgcctgagctgttctgcctcc ggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaagggact ggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtccgtggactacgcgg aatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaataccaagaatacttgtatttgga gatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgccagaacaggcaaa tactacgacttctggtggggctatcccccctggcgaggaatattttcaagactggggtcag ggaaccttgttatcgtgtcctccgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatc ggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctggg ctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgcc ctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccct cagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaac gtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtg acaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggacccgtcag tcttcctcttcccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtca catgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgtt gacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaaca gcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaa ggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccccatcgagaaaaccat ctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatccc agcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaaga ccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtgg acaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctct gcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	Gcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgt gactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatca gaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaatagg ccatctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagt ctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctc ccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactg accgtcctcgacaaaacccataccgacttcgtgctgacccagagccctcacag cctgagcgtgacacctggcgagagcgccagcatcagctgcaagagcagcca ctccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtacgtgcagaagc ccggcagatcccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcgg cgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaagat cagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcaga gagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggataaga cccatacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacg agcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacc cccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggc aacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagc ctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgt acgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttc aaccggggcgagtgt	**서열 번호 48**
결합 단백질 7의 아미노산 서열		

[1244]

중쇄 A	Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkpr ggavnyarplqgrvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctrgkncdynwdfehw grgtpvivssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgalts gvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkt htcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyv dgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiekt iskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpenny kttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	서열 번호 49
경쇄 A	Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqygslawyqqrpgqaprlviysgstraagipdrfs gsrwgpdynltisnlesgdfgvyycqqyeffgqgtkvqvdikrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 50
중쇄 B	qmqlqesgpglvkpsetlsltcsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvh ksgdtnyspslksrvnlsldtsknqvslslvaataadsgkyycartlhgrriygi vafnewftyfymdvwgngtqvtvssdkthtQvhltqsgpevrkpgtsvkv sckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvti dwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavdv dylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvk dyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicn vnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlm isrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrv vsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlpp crdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsf flyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	서열 번호 51
경쇄 B	Dfvltqsphslsvtpgesasisckssqslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth tsdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgs pdspfgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtrtvaaps vfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskd styslssttltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 52
결합 단백질 7의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcg gatcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcaccctgaactggatcaga ctggcccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggagc cgtgaactacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtacag cgataccgccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttct gcacccggggcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagaggc acccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgaccaagggccccagcgtgttcctctggccc ctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgca caccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgaca gtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagccca gcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacac ctgtccccctgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccccc aaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggt ggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaa gtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggt ggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtg caaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaa gggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctg accaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgc	서열 번호 53

[1245]

	cgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctg tgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccgg tggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggc	
경쇄 A	gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagcc atcatcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcct ggacaggcccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatccc cgatagattcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacctg gaaagcggcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggca ccaaggtgcaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccc acctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaac ttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcgg caacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctga gcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgc gaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	서열 번호 54
중쇄 B	cagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgag cctgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcag gaggagccctggcaagggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgac accaactacagccccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaaga accaggtgagcctgtccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactg tgccaggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttc acctacttctacatggacgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgaca aaacccatacccaggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggc acctctgtgaaggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgc actgggtgcgcagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccac gagggcgacaagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgg gacagaagcaccaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgatacc gccgtgtactactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtac gacgatgacggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaa ttctggggccagggcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttcca ccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcac agcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtgg aactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcag gactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagac ctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttga gcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgg ggggaccgtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccgg acccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaag ttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggagg agcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactg gctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagcccccat cgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccc tgccccatgccgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaa aggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggaga acaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaa aactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgat gcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	서열 번호 55
경쇄 B	Gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgaga gcgccagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaa caactacctggcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctga	서열 번호 56

[1246]

	tctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagc ggcagcgacaaggacttcaccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggac gtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagcccctggacctttggcca gggcaccaaggtggacatcaaggacaaaacccatacctccgacatcagcgtg gccccggagagacagccaggatctcctgcggcgagaagagcctgggaag cagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacaggctcccagcctgatc atctacaacaaccaggacaggcccagcggcatccctgagaggttcagcggaa gccccgacagccccttcggaaccacagccaccctgaccatcacaagcgtgga agccggcgacgaggccgactactactgccacatctgggacagcagggtgcc caccaagtgggtgtttggcggcggcaccaccctgaccgtgctggataagaccc atacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagc agctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccc gcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaac agccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctg agcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtac gcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaa ccggggcgagtgt	
결합 단백질 8의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqy gavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswalda wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 57**
경쇄 A	Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedg vpsrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 58**
중쇄 B	Evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvqlvesgggvvqpgt slrlscaasqfrfdgygmhwvrqapgkglewvasishdgikkyhaekvwg rftisrdnskntlylqmnslrpedtalyycakdlredeceewwsdyydfgkq lpcaksrgglvgiadnwgqgtmvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsg gtaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpss slgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflf ppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpr eeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqpr epqvytlppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktp pvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 59**
경쇄 B	Qsvltqppsvsaapgqkvtiscsgntsnignnfvswyqqrpgrapqlliyetdkrps gipdrfsasksgtsgtlaitglqtgdeadyycatwaaslssarvfgtgtkvivldkthtas eltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdr fsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaap svfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdsk dstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 60**
결합 단백질 8의 뉴클레오티드 서열		

[1247]

중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggca ggcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccg tgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcg agatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactg cgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagg gcacaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggc ccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaagg actactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtg cacacctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtga cagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagc ccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccca cacctgtccccctttgtcctgcccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccc cccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggt ggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtg gaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctacc gggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtaca agtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaagg ccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacga gctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgat atcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccc ccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaag tcccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcac aaccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	서열 번호 61
경쇄 A	Tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgaca gagtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactg gtatcagcacaagcctggcagagccccaagctgctgatccaccacacaagc agcgtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacacca gcttcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactatt gtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacg gtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtcc ggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaa agtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaa gcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccc tgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagt gacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	서열 번호 62
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacctttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtggggctatcccccctggcgaggaata ttttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacca ggtgcagttggtggagtctgggggaggcgtggtccagcctgggacgtccctgagact ctcctgtgcagcctctcaattcaggtttgatggttatggcatgcactgggtccgccaggc cccaggcaaggggctggagtgggtggcatctatatcacatgatggaattaaaaagtat cacgcagaaaaagtgtggggccgcttcaccatctccagagacaattccaagaacaca ctgtatctacaaatgaacagcctgcgacctgaggacacggctctctactactgtgcgaa agatttgcgagaagacgaatgtgaagagtggtggtcggattattacgattttgggaaac aactcccttgcgcaaagtcacgcggcggcttggttggaattgctgataactggggcca agggacaatggtcaccgtctcttcagataagacccacaccgcttccaccaagggccca	서열 번호 63

[1248]

	tcggtcttcccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgg gctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgc cctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccc tcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaa cgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgt gacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggggaccgtca gtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggt cacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtat gttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaa cagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggc aaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccccatcgagaaaacc atctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgc cgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcc cagcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaag accacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtg gacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggct ctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	Cagtctgtgctgacgcagccgccctcagtgtctgcggccccaggacagaagg tcaccatctcctgctctggaaacacctccaacattggcaataattttgtgtcctggt atcaacagcgccccggcagagccccccaactcctcatttatgaaactgacaag cgaccctcagggattcctgaccgattctctgcttccaagtctggtacgtcaggca ccctggccatcaccgggctgcagactggggacgaggccgattattactgcgc cacatgggctgccagcctgagttccgcgcgtgtcttcggaactgggaccaagg tcatcgtcctggacaaaacccataccgcatccgaactgactcaggaccctgcc gtctctgtggcactgaagcagactgtgactattacttgccgaggcgactcactgc ggagccactacgcttcctggtatcagaagaaacccggccaggcacctgtgctg ctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttctggca gtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccggcgcccaggctgagga cgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcg tgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatacccgtacg gtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtcc ggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctatccccccgcgaggccaa agtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaa gcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccc tgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagt gacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	**서열 번호 64**
결합 단백질 9 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkpr ggavnyarplqgrvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctrgkncdynwdfehw grgtpvivssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgalts gvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkt htcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyv dgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiekt iskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpenny kttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 65**
경쇄 A	Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqygslawyqqrpgqaprlviysgstraagipdrfs gsrwgpdynltisnlesgdfgvyycqqyeffgqgtkvqvdikrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 66**

[1249]

중쇄 B	Evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvqlvesgggvvqpgt slrlscaasqfrfdgygmhwvrqapgkglewvasishdgikkyhaekvwg rftisrdnsknt lylqmnslrpedtalyycakdlredeceewwsdyydfgkq lpcaksrgglvgiadnwgqgtmvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsg gtaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpss slgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflf ppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpr eeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqpr epqvytlppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttp pvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	서열 번호 67
경쇄 B	qsvltqppsvsaapgqkvtiscsgntsnignnfvswyqqrpgrapqlliyetdkrps gipdrfsasksgtsgtlaitglqtgdeadyycatwaaslssarvfgtgtkvivldkthtas eltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdr fsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaap svfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdsk dstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 68
결합 단백질 9 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcg gatcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcaccctgaactggatcaga ctggcccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggagc cgtgaactacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtacag cgataccgccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttct gcacccggggcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagaggc acccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgaccaagggccccagcgtgttccctctggccc ctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgca caccttt ccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgaca gtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagccca gcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacac ctgtccccctt gtcctgccccc gaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccccc aaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggt ggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaa gtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggt ggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtg caaggtgtccaacaaggccctgcctgccccc atcgagaaaaccatcagcaaggccaa gggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctg accaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccctccgatatcgc cgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctg tgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccgg tggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggc	서열 번호 69
경쇄 A	gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagcc atcatcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcct ggacaggcccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatccc cgatagattcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacctg gaaagcggcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggca ccaaggtgcaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccc	서열 번호 70

[1250]

	acctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaac ttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcgg caacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctga gcagcaccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgc gaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaataccttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtggggctatcccccctggcgaggaata ttttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccataccca ggtgcagttggtggagtctgggggaggcgtggtccagcctgggacgtccctgagact ctcctgtgcagcctctcaattcaggtttgatggttatggcatgcactgggtccgccaggc cccaggcaaggggctggagtgggtggcatctatatcacatgatggaattaaaaagtatc acgcagaaaaagtgtggggccgcttcaccatctccagagacaattccaagaacacact gtatctacaaatgaacagcctgcgacctgaggacacggctctctactactgtgcgaaag atttgcgagaagacgaatgtgaagagtggtggtcggattattacgattttgggaaacaac tcccttgcgcaaagtcacgcggcggcttggttggaattgctgataactggggccaagg gacaatggtcaccgtctcttcagataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcg gtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggct gcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccct gaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctca gcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgt gaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtga caaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtcagt cttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtca catgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgtt gacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaaca gcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaa ggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccat ctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatccc agcgacatccgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaaga ccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtgg acaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctct gcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	cagtctgtgctgacgcagccgccctcagtgtctgcggccccaggacagaaggtcacc atctcctgctctggaaacacctccaacattggcaataattttgtgtcctggtatcaacagc gccccggcagagccccccaactcctcatttatgaaactgacaagcgacgcctcagggat tcctgaccgattctctgcttccaagtctggtacgtcaggcaccctggccatcaccgggct gcagactggggacgaggccgattattactgcgccacatgggctgccagcctgagttcc gcgcgtgtcttcggaactgggaccaaggtcatcgtcctg gacaaaacccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactga agcagactgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctgg tatcagaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggc catctggcatcccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgacc attaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataaga gcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagac ccataccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcag ctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggc caaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagc	**서열 번호 71** **서열 번호 72**

[1251]

	gtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacact gagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagg gcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 10 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkpr ggavnyarplqgrvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctrgkncdynwdfehw grgtpvivssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgalts gvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkt htcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyv dgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiekt iskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpenny kttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 73**
경쇄 A	Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqygslawyqqrpgqaprlviysgstraagipdrfs gsrwgpdynltisnlesgdfgvyycqqyeffgqgtkvqvdikrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 74**
중쇄 B	qvqlvesgggvvqpgtslrlscaasqfrfdgygmhwvrqapgkglewvas ishdgikkyhaekvwgrftisrdnsknt lylqmnslrpedtalyycakdlred eceewwsdyydfgkqlpcaksrgglvgiadnwgqgtmvtvssdkthtevr lvesgggl vkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgritgp gegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyyd fwwgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtastkgpsvfplapsskstsgg taalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpsss lgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfp pkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpree qynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqpre pqvytlppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttpp vldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 75**
경쇄 B	aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgip drfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtqsvlt qppsvsaapgqkvtiscsgntsnignnfvswyqqrpgrapqlliyetdkrpsgipdr fsasksgtsgtlaitglqtgdeadyycatwaaslssarvfgtgtkvivldkthtrtvaaps vfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskd stysls stltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 76**
결합 단백질 10 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcg gatcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcaccctgaactggatcaga ctggcccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggagc cgtgaactacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtacag cgataccgccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttct gcacccggggcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagaggc acccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgaccaagggccccagcgtgttccctctggccc ctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgca caccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgaca gtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagccc agcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccaca cctgtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccccc	**서열 번호 77**

[1252]

[1253]

	caaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccgaagtgacctgcgtggtg gtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtgg aagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccg ggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaa gtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggc caagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgag ctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatat cgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccc cctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtc ccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaa ccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggc	
경쇄 A	gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagcc atcatcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcct ggacaggcccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatccc cgatagattcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacctg gaaagcggcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggca ccaaggtgcaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccc acctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaac ttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcgg caacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctg agcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctg cgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcg agtgt	**서열 번호 78**
중쇄 B	caggtgcagttggtggagtctgggggaggcgtggtccagcctgggacgtccctgaga ctctcctgtgcagcctctcaattcaggtttgatggttatggcatgcactgggtccgccag gccccaggcaaggggctggagtgggtggcatctatatcacatgatggaattaaaaagt atcacgcagaaaaagtgtggggccgcttcaccatctccagagacaattccaagaacac actgtatctacaaatgaacagcctgcgacctgaggacacggctctctactactgtgcga aagatttgcgagaagacgaatgtgaagagtggtggtcggattattacgattttgggaaa caactcccttgcgcaaagtcacgcggcggcttggttggaattgctgataactggggcc aagggacaatggtcaccgtctcttcagacaaaacccatacgaggttagactggtgga gtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgcctgagctgttctgcctcc ggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaagggact ggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtccgtggactacgcgg aatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacccaagaatacctttgtatttgga gatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgccagaacaggcaaa tactacgacttctggtccggctatcccccctggcgaggaatattttcaagactggggtcag ggaaccttgttatcgtgtcctccgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatc ggtcttcccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctggg ctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgcc ctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccct cagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaa cgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgt gacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggacccgtca gtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccctgaggt cacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtat gttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaa cagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggc aaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaacc atctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgccccatgc cgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcc	

	cagcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaag accacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtg gacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggct ctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgt gactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatca gaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaatagg ccatctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagt ctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctc ccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactg accgtcctcgacaaaacccatacc cagtctgtgctgacgcagccgccctcagtgtctgcggccccaggacagaaggg tcaccatctcctgctctggaaacacctccaacattggcaataattttgtgtcctggt atcaacagcgccccggcagagccccccaactcctcatttatgaaactgacaag cgaccctcagggattcctgaccgattctctgcttccaagtctggtacgtcaggca ccctggccatcaccgggctgcagactggggacgaggccgattattactgcgc cacatgggctgccagcctgagttccgcgcgtgtcttcggaactgggaccaagg tcatcgtcctg gataagacccatacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacct agcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaa cttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcag agcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccac ctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagca caaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgacc aagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 80
결합 단백질 11의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqy gavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswalda wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslsp g	서열 번호 81
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltls kadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 82
중쇄 B	evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgri tgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgts vkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfka kvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwa vdvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalg clvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqt yicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpk dtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqyns tyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvyt	서열 번호 83

[1254]

	lppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsd gsfflysklvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth taseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteq dskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 84
결합 단백질 11 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttcctctggcccc tagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcac acctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagt gcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccag caacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacct gtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggccctccgtgttcctgttccccccaa agcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtgg atgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgc aaggtgtccaacaaggccctgcctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag ggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgccccaagcagggacgagctga ccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccctccgatatcgcc gtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgt gctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggt ggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	서열 번호 85
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacag agtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggt atcagcacaagcctggcagagccccccaagctgctgatccaccacacaagcag cgtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagct tcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtca ggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtgg ccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggc acagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtg cagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgt gaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgac actgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacc caccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 86
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaataccttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct	서열 번호 87

[1255]

	gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtggggctatccccctggcgaggaata ttttcaagactggggtcagggaaccettgttatcgtgtcctccgacaaaacccataccca ggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggt gtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcag cgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaag aaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcacc aacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactact gcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggc gccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagg gcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatc ggtcttcccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctggg ctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgcc ctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccct cagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaac gtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtg acaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggacccgtcag tcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtca catgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgtt gacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaaca gcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaa ggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccat ctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatccc agcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaaga ccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtgg acaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctct gcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgaga gcgccagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaa caactacctggcttggtacgtgcagaagccccggcagatcccccccagctgctga tctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagc ggcagcgacaaggacttcaccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggac gtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagcccctggacctttggcca gggcaccaaggtggacatcaaggacaaaacccataccgcatccgaactgact caggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattacttgccga ggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcagaagaaacccggcca ggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccga ccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccggcgc ccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggct ccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacc catacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgag cagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccc cgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaa cagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcct gagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgta cgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttca accggggcgagtgt	**서열 번호 88**
결합 단백질 12 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqy gavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswalda wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal	**서열 번호 89**

[1256]

	tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslsp g	
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltls kadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 90**
중쇄 B	evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgri tgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqmqlqesgpglvkpse tlsltcsvsgasisdsyywswirrspgkglewigyvhksgdtnyspslksrvnl sldtsknqvslslvaataadsgkyycartllhgrriygivafnewftyfymdvw gngtqvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtv swnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntk vdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcv vvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqd wlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltknqv slwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltvdks rwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 91**
경쇄 B	sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgsp dspfgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtaseltqdp avsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaapsvfifp psdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysls stltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 92**
결합 단백질 12 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggcccc tagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcac acctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagt gcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccag caacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacct gtccccctgtcctgcccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttcccccaa agcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtgg atgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagccaagaggaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgc aaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag ggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctga ccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgcc gtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccgt gctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggt	**서열 번호 93**

[1257]

	ggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacag agtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggt atcagcacaagcctggcagagccccccaagctgctgatccaccacacaagcag cgtggaagatggcgtgcccagcagatttttccggcagcggcttccacaccagct tcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtca ggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtgg ccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggc acagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtg cagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgt gaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgac actgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacc caccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 94**
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaataccttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtggggctatccccctggcgaggaata ttttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccca gatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgagcc tgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcagga ggagccctggcaagggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgacacc aactacagccccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaagaacc aggtgagcctgtccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactgtgc caggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttcacc tacttctacatggacgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgataaga cccacaccgcttccaccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcctccaagag cacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaacc ggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggc tgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagca gcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggt ggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgccca gcacctgaactcctgggggacccgtcagtcttcctcttcccccaaaacccaaggaca ccctcatgatctcccggaccccgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacga agaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaaga caaagccgcgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcacc gtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaa gccctcccagccccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgaga accacaggtgtacaccctgcccccatgcccgggatgagctgaccaagaatcaagtcag cctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagc aatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacgg ctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaac gtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcct ctccctgtctccgggt	
경쇄 B	tccgacatcagcgtggccccccggagagacagccaggatctcctgcggcgag aagagcctgggaagcagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacag gctcccagcctgatcatctacaacaaccaggacaggcccagcggcatccctga gaggttcagcggaagccccgacagcccctttcggaaccacagccacccctgacc atcacaagcgtggaagccggcgacgaggccgactactactgccacatctggg	**서열 번호 96**

[1258]

	acagcagggtgcccaccaagtgggtgtttggcggcggcaccaccctgaccgt gctggacaaaacccatacccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgt ggcactgaagcagactgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagcc actacgcttcctggtatcagaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttcta cggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatc agggaaccgagccagtctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagc cgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcgg aggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatacccgtacggtggccg ctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcaca gcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcag tggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactga gcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccacc agggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 13의 아미노산 서열		
중쇄 A	qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydlhwvrsvpgqglqwmgwishe gdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydd dgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvn hkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevt cvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwl ngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkg fypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsv mhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 97**
경쇄 A	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikrtva apsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqd skdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 98**
중쇄 B	evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqmqlqesgpglvkpse tlsltcsvsgasisdsyswswirrspgkglewigyvhksgdtnyspslksrvnl sldtsknqvslslvaataadsgkyycartlhgrriygivafnewftyfymdv wgngtqvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepv tvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsn tkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevt cvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlh qdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltkn qvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltv dksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 99**
경쇄 B	sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgsp dspfgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtaseltqd pavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgs asgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaapsvfif ppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdsty slsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 100**
결합 단백질 13의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaa ggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcg	**서열 번호 101**

[1259]

	cagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgac aagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagc accaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtact actgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgac ggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggc cagggcacagccgtgaccgtgtcatctgcttcgaccaagggccccagcgtgttcctc tggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtga aggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcgg cgtgcacaccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtc gtgacagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccaca agcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagac ccacacctgtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgtt ccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccgaagtgacctgcg tggtggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacgg cgtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacct accgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagt acaagtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagca aggccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcaggga cgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctcc gatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccac ccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggaca agtcccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgc acaaccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	
경쇄 A	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg gcttggtacgtgcagaagcccggcagatcccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaagcgtacg gtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcagtg gaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagca ggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccg actacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagcc ccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 102**
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaataccttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtggggctatcccccctggcgaggaata ttttcaagactggggtcagggaaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaaacccatacca gatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgagcc tgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcagg aggagccctggcaagggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgaca ccaactacagccccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaaga accaggtgagcctgtccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactg tgccaggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttc acctacttctacatggacgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgata agacccacaccgcttccaccaagggcccatcggtcttcccctggcaccctcctccaa gagcacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccga accggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttccc	**서열 번호 103**

[1260]

	ggctgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctcca gcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacacca aggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtg cccagcacctgaactcctgggggaccgtcagtcttcctcttcccccaaaacccaag gacaccctcatgatctcccggaccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagcc acgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgc caagacaaagccgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcc tcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaa caaagccctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagcccc gagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgcccgggatgagctgaccaagaatcaag tcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtggga gagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccg acggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggg gaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaaga gcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	tccgacatcagcgtggcccccggagagacagccaggatctcctgcggcgag aagagcctgggaagcagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacag gctcccagcctgatcatctacaacaaccaggacaggcccagcggcatccctg agaggttcagcggaagccccgacagcccccttcggaaccacagccaccctga ccatcacaagcgtggaagccggcgacgaggccgactactactgccacatctg ggacagcagggtgcccaccaagtgggtgtttggcggcggcaccaccctgac cgtgctggacaaaacccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtct ctgtggcactgaagcagactgtgactattacttgccgaggcgactcactgcgga gccactacgcttcctggtatcagaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgt tctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttctggcagtg catcagggaaccgagccagtctgaccattaccggcgcccaggctgaggacg aagccgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtg ttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatacccgtacggt ggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccg gcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaa gtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaag cgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccct gacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagt gacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	서열 번호 104
결합 단백질 14의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqy gavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswalda wgqgttvvvsaastkgpsvfplapssksstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslsp g	서열 번호 105
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedg vpsrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfyprеakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 106
중쇄 B	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmg	서열 번호 107

[1261]

	wishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgsk hrlrdyalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtevrlves ggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgritgpgeg wsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyydfw wgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaa lgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgt qtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppk pkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeq ynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprep qvytlppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppv ldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	
경쇄 B	aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtdfv ltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasg vpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtrt vaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvte qdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 108**
결합 단백질 14 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggca ggcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccg tgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcg agatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactg cgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagg gcacaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggc ccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaagg actactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtg cacaccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtga cagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagc ccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccca cacctgtccccctttgtcctgcccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccc cccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggt ggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtg gaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctacc gggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtaca agtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaagg ccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacga gctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgat atcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccc ccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaag tcccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcac aaccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	**서열 번호 109**
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacag agtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggt atcagcacaagcctggcagagccccccaagctgctgatccaccacacaagcag cgtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagct tcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtc aggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtg gccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccgg cacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagt	**서열 번호 110**

[1262]

	gcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcg tgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctga cactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtga cccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtg t	
중쇄 B	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaa ggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcg cagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgac aagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagc accaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtact actgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgac ggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggc cagggcacagccgtgaccgtgtcatctgacaaaacccatacgaggttagactggtg gagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgcctgagctgttctgcct ccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaaggg actggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtccgtggactacg cggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaataccaagaataccttgtattt ggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgccagaacaggc aaatactacgacttctggtggggctatcccccctggcgaggaatattttcaagactggggt cagggaacccttgttatcgtgtcctccgataagacccacaccgcttccaccaagggcc catcggtcttcccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccct gggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcagg cgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctact ccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctg caacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatc ttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggacc gtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctg aggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaact ggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcag tacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctga atggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccccatcgaga aaaccatctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgccc ccatgccgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggct tctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaac tacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactc accgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcat gaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgt gactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatca gaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaatagg ccatctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagt ctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctc ccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactg accgtcctcgacaaaacccatacccgacttcgtgctgacccagagccctcacag cctgagcgtgacacctggcgagagccgccagcatcagctgcaagagcagcca ctccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtacgtgcagaagc ccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcgg cgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaaga tcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcag agagagccccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggataag acccataccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgac gagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctac	서열 번호 111 서열 번호 112

[1263]

	ccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcgg caacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacag cctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggt gtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagc ttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 15의 아미노산 서열		
중쇄 A	qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydlhwvrsvpgqglqwmgwishe gdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydd dgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglylsslvvtvpssslgtqtyicnvn hkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevt cvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwl ngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkg fypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsv mhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 113**
경쇄 A	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikrtva apsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqds kdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 114**
중쇄 B	Evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqmqlqesgpglvkpset lsltcsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvhksgdtnyspslksrvnls ldtsknqvslslvaataadsgkyycartlhgrriygivafnewftyfymdvw gngtqvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtv swnsgaltsgvhtfpavlqssglylsslvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntk vdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcv vvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqd wlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltknqv slwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltvdks rwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 115**
경쇄 B	sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgsp dspfgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtaseltqdp avsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaapsvfifp psdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysls stltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 116**
결합 단백질 15의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaa ggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcg cagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgac aagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagc accaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtact actgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgac ggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggcc agggcacagccgtgaccgtgtcatctgcttcgaccaagggccccagcgtgttccctct ggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtga aggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcgg cgtgcacaccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtc gtgacagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccaca	**서열 번호 117**

[1264]

	agcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagac ccacacctgtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgtt ccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccgaagtgacctgcgt ggtggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggc gtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagaggaggaacagtacaacagcaccta ccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagta caagtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaa ggccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggac gagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccg atatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacc cccccgtgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaa gtcccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgca caaccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	
경쇄 A	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg gcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaagcgtacg gtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcagtgg aaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagg acagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgact acgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccg tgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 118**
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaaccctgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccag atgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgagcct gacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcagga ggagccctggcaagggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgacacc aactacagcccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaagaacc aggtgagcctgtccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactgtgc caggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttcacc tacttctacatggacgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgataaga cccacaccgcttccaccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcctccaagag cacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaacc ggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggc tgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagca gcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggt ggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgccca gcacctgaactcctgggggaccgtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggaca ccctcatgatctcccggaccccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacga agaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaaga caaagccgcgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcacc gtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaa gccctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgaga accacaggtgtacaccctgcccccatgcccgggatgagctgaccaagaatcaagtcag	**서열 번호 119**

[1265]

	cctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagc aatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacgg ctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaac gtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcct ctccctgtctccgggt	
경쇄 B	tccgacatcagcgtggccccccggagagacagccaggatctcctgcggcgag aagagcctgggaagcagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacag gctcccagcctgatcatctacaacaaccaggacaggcccagcggcatccctga gaggttcagcggaagccccgacagcccctteggaaccacagccaccctgacc atcacaagcgtggaagccggcgacgaggccgactactactgccacatctggg acagcagggtgcccaccaagtgggtgtttggcggcggcaccaccctgaccgt gctggacaaaacccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgt ggcactgaagcagactgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagcc actacgcttcctggtatcagaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttcta cggaaagaacaataggccatctggcatcccgaccgcttttctggcagtgcatc agggaaccgagccagtctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagc cgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcgg aggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatacccgtacggtggccg ctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcaca gcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcag tggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactga gcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccacc agggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 120**
결합 단백질 16 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqy gavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswalda wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevlnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnyklttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslsp g	**서열 번호 121**
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltls kadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 122**
중쇄 B	Evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqmqlqesgpglvkpset lsltcsvsgasisdsyywswirrspgkglewigyvhksgdtnyspslksrvnls ldtsknqvslslvaataadsgkyycartlhgrriygivafnewftyfymdvw gngtqvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtv swnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntk vdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcv vvdvshedpevkfnwyvdgvevlnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqd wlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltknqv slwclvkgfypsdiavewesngqpennyklttppvldsdgsfflyskltvdks	**서열 번호 123**

[1266]

	rwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	
경쇄 B	sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgsp dspfgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtaseltqdp avsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaapsvfifp psdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysls stltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 124**
결합 단백질 16의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgaccccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggcccc tagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcac accttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagt gcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccag caacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacct gtcccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttcccccaa agcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtgg atgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgc aaggtgtccaacaaggccctgcctgccccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag ggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctga ccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccctccgatatcgcc gtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgt gctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggt ggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	**서열 번호 125**
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacag agtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggt atcagcacaagcctggcagagccccaagctgctgatccaccacacaagcag cgtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagct tcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtca ggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtgg ccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggc acagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtg cagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgt gaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgac actgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacc caccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 126**
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacctttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccag	**서열 번호 127**

[1267]

	atgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgagcct gacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcagga ggagccctggcaagggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgacacc aactacagcccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaagaacc aggtgagcctgtccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactgtgc caggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttcacc tacttctacatggacgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgataaga cccacaccgcttccaccaagggcccatcggtcttcccccctggcaccctcctccaagag cacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaacc ggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggc tgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagca gcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggt ggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgccca gcacctgaactcctgggggaccgtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggaca ccctcatgatctcccggaccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacga agaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaaga caaagccgcgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcacc gtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaa gccctcccagccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgaga accacaggtgtacaccctgccccatgcccgggatgagctgaccaagaatcaagtcag cctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagc aatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacgg ctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaac gtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcct ctccctgtctccgggt	
경쇄 B	tccgacatcagcgtggccccccggagagacagccaggatctcctgcggcgag aagagcctgggaagcagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacag gctcccagcctgatcatctacaacaaccaggacaggcccagcggcatccctga gaggttcagcggaagccccgacagccccttcggaaccacagccacccctgacc atcacaagcgtggaagccggcgacgaggccgactactactgccacatctggg acagcagggtgcccaccaagtgggtgtttggcggcggcaccaccctgaccgt gctggacaaaacccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgt ggcactgaagcagactgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagcc actacgcttcctggtatcagaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttcta cggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatc agggaaccgagccagtctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagc cgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcgg aggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatacccgtacggtggccg ctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcaca gcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccccgcgaggccaaagtgcag tggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactga gcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccacc agggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 128
결합 단백질 17 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqy gavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswalda wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe	서열 번호 129

[1268]

	nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvpsrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 130**
중쇄 B	qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalyddddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtqmqlqesgpglvkpsetlsltcsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvhksgdtnyspslksrvnlsldtsknqvslslvaataadsgkyycartlhgrriygivafnewftyfymdvwgngtqvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 131**
경쇄 B	sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgspdspfgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtdfvltqsphslsvtpgesasiscksshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 132**
결합 단백질 17 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcggg tgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggcccc tagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcac acctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagt gcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccag caacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacct gtcccccttgtcctgcccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttcccccaa agcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtgg atgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgc aaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag ggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctga ccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccctccgatatcgcc gtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgt gctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggt ggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	**서열 번호 133**

[1269]

경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacag agtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggt atcagcacaagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcag cgtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagct tcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtca ggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtgg ccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggc acagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtg cagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgt gaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgac actgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacc caccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 134
중쇄 B	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaa ggtgtcctgcaaggccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcg cagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgac aagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagc accaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtact actgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgac ggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggcc agggcacagccgtgaccgtgtcatctgacaaaacccatacccagatgcagctgcagg agagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgagcctgacatgcagcgtg agcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcaggaggagccctggcaa gggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgacaccaactacagccct ccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaagaaccaggtgagcctgt ccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactgtgccaggaccctgca cggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttcacctacttctacatgg acgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgataagacccacaccgctt ccaccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctggggg cacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtc gtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcc tcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcaccc agacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaag ttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactc ctgggggaccgtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctc ccggacccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggt caagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgg gaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccag gactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagcc cccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgta caccctgcccccatgccgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctg gtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccg gagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctcta ctcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctcc gtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgg gt	서열 번호 135
경쇄 B	tccgacatcagcgtggccccccggagagacagccaggatctcctgcggcgag aagagcctgggaagcagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacag gctcccagcctgatcatctacaacaaccaggacaggcccagcggcatccctga gaggttcagcggaagccccgacagcccctttcggaaccacagccacacctgacc atcacaagcgtggaagccggcgacgaggccgactactactgccacatctggg acagcagggtgcccaccaagtgggtgtttggcggcggcaccaccctgaccgt gctggacaaaacccatacccgacttcgtgctgacccagagccctcacagcctga	서열 번호 136

[1270]

	gcgtgacacctggcgagagcgccagcatcagctgcaagagcagccactccct gatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtacgtgcagaagcccggc agatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcggcgtgc ccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaagatcagc cgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagag agcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggataagaccc atacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagc agctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccc gcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaac agccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctg agcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtac gcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaa ccggggcgagtgt	
결합 단백질 18 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqy gavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswalda wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslsp g	**서열 번호 137**
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 138**
중쇄 B	qmqlqesgpglvkpsetlsltcsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvh ksgdtnyspslksrvnlsldtsknqvslslvaataadsgkyycartlhgrriygi vafnewftyfymdvwgngtqvtvssdkthtevrlvesgggvkpggslrls csasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgritgpgegwsvdyaesvkgrf tisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyydfwsgyppgeeyfqdw gqgtlvivssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtv swnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntk vdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcv vvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqd wlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltknqv slwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltvdks rwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 139**
경쇄 B	aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgip drfsgsasgnraslitigaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtsdis vapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgspdsp fgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtrtvaapsvfif ppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 140**
결합 단백질 18 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg	**서열 번호 141**

[1271]

	aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggcccc tagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcac acctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagt gcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccag caacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacct gtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccccccaa agcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccgaagtgacctgcgtggtggtgg atgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgc aaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag ggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctga ccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgcc gtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgt gctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggt ggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacag agtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggt atcagcacaagcctggcagagccccaagctgctgatccaccacacaagcag cgtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagct tcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtca ggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtgg ccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggc acagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccccgcgaggccaaagtg cagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgt gaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgac actgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacc caccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 142**
중쇄 B	cagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgag cctgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcag gaggagccctggcaagggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgac accaactacagccccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaaga accaggtgagcctgtccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactg tgccaggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttc acctacttctacatggacgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgaca aaacccataccgaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtg ggtctctccgcctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctg ggtcaggcagcctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccag gcgagggctggtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaag ggacaataccaagaatacctttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacacc ggatattacttctgtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatccccct ggcgaggaatattttcaagactggggtcagggaaccctgttatcgtgtcctccgataag acccacaccgcttccaccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcctccaaga gcacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaac cggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccgg ctgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagc agcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaag	**서열 번호 143**

[1272]

	gtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcc cagcacctgaactcctgggggaccgtcagtcttcctcttcccccaaaacccaagga caccctcatgatctcccggacccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccac gaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaa gacaaagccgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctca ccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaaca aagccctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccga gaaccacaggtgtacaccctgcccccatgccgggatgagctgaccaagaatcaagtc agcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggaga gcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgac ggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcagggga acgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagc ctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgtg actattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggcca tctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctg accattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccg ggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgacc gtcctcgacaaaacccatacctccgacatcagcgtggcccccggagagacag ccaggatctcctgcggcgagaagagcctgggaagcagggctgtgcagtggta ccaacacagggccggacaggctcccagcctgatcatctacaacaaccaggac aggcccagcggcatccctgagaggttcagcggaagcccgacagccccttcg gaaccacagccaccctgaccatcacaagcgtggaagccggcgacgaggccg actactactgccacatctgggacagcagggtgcccaccaagtgggtgtttggc ggcggcaccaccctgaccgtgctggataagacccatacccgtacggtggccg ctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcaca gcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcag tggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactga gcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccacc agggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 144**
결합 단백질 19의 아미노산 서열		
중쇄 A	evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgritgpg egwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyydfwsgy ppgeeyfqdwgqgtlvivssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepv tvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvd kkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshe dpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckv snkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiave wesngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnh ytqkslslspg	**서열 번호 145**
경쇄 A	aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgip drfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvlsqpkaaps vtlfppsseelqankatlvclisdfypgavtvawkadsspvkagvetttpskqsnnky aassylsltpeqwkshrsyscqvthegstvektvaptecs	**서열 번호 146**
중쇄 B	qmqlqesgpglvkpsetlsltcsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvh ksgdtnyspslksrvnlsldtsknqvslslvaataadsgkyycartlhgrriygi vafnewftyfymdvwgngtqvtvssdkthtQvhltqsgpevrkpgtsvkv	**서열 번호 147**

[1273]

	sckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvti dwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavdv dylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvk dyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicn vnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlm isrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrv vsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlpp crdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsf flyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth tsdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgs pdspfgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtrtvaaps vfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskd styslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 148**
결합 단백질 19 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacctttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaaccctgttatcgtgtcctccgcgtcgaccaagggccc cagcgtgttcctctggccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccct gggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcg ccctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacag cctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgc aacgtgaaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaaga gctgcgacaagacccacacctgtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggccc ttccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccg aagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattgg tacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagta caacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaac ggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaa accatcagcaaggccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgccccc aagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggctt ctaccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaacta caagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctga cagtggacaagtcccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacg aggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	**서열 번호 149**
경쇄 A	gcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgtg actattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggcca tctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctg accattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccg ggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgacc gtcctcagtcagcccaaggctgccccctcggtcactctgttcccgccctcgagt gaggagcttcaagccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctac ccgggagccgtgacagtggcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcg ggagtggagaccaccacaccctccaaacaaagcaacaacaagtacgcggcc	**서열 번호 150**

[1274]

	agcagctacctgagcctgacgcctgagcagtggaagtcccacagaagctaca gctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggagaagacagtggccccta cagaatgttca	
중쇄 B	cagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgag cctgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcag gaggagccctggcaagggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgac accaactacagcccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaaga accaggtgagcctgtccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactg tgccaggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttc acctacttctacatggacgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgaca aaacccatacccaggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggc acctctgtgaaggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgc actgggtgcgcagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccac gagggcgacaagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgg gacagaagcaccaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgatacc gccgtgtactactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtac gacgatgacggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaa ttctggggccagggcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttcca ccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcac agcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtgg aactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcag gactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagac ctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttga gcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgg ggggaccgtcagtcttcctcttcccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccgg acccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaag ttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggagg agcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactg gctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccat cgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccc tgccccatgccgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaa aggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggaga acaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaa aactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgat gcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgaga gcgccagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaa caactacctggcttggtacgtgcagaagcccggcagatcccccagctgctga tctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagc ggcagcgacaaggacttcaccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggac gtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagccccctggacctttggcca gggcaccaaggtggacatcaaggacaaaacccatacctccgacatcagcgtg gccccggagagacagccaggatctcctgcggcgagaagagcctgggaag cagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacaggctcccagcctgatc atctacaacaaccaggacaggcccagcggcatccctgagaggttcagcggaa gccccgacagcccctteggaaccacagccaccctgaccatcacaagcgtgga agccggcgacgaggccgactactactgccacatctgggacagcagggtgcc caccaagtgggtgtttggcggcggcaccaccctgaccgtgctggataagaccc atacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagc agctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccc gcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaac agccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctg	서열 번호 151 서열 번호 152

[1275]

	agcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtac gcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaa ccggggcgagtgt	
결합 단백질 20 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqy gavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswalda wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslsp g	**서열 번호 153**
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltls kadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 154**
중쇄 B	qmqlqesgpglvkpsetlsltcsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvh ksgdtnyspslksrvnlsldtsknqvslslvaataadsgkyycartlhgrriygi vafnewftyfymdvwgngtqvtvssdkthtQvhltqsgpevrkpgtsvkv sckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvti dwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavdv dylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvk dyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicn vnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlm isrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrv vsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlpp crdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsf flyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 155**
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth tsdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgs pdspfgttatltitsveagdeadyychiwdsrvptkwvfgggttltvldkthtrtvaaps vfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskd styslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 156**
결합 단백질 20 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggca ggcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccg tgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcg agatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactg cgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagg gcacaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggc ccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaagg actactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtg cacaccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtga cagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcc cagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccac acctgtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttcccc ccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtg	**서열 번호 157**

[1276]

	gtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtgg aagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgg gtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagt gcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggcca agggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagct gaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcg ccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccg gtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaacca ctacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacag agtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggt atcagcacaagcctggcagagccccaagctgctgatccaccacacaagcag cgtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagct tcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtca ggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtgg ccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggc acagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtg cagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgt gaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgac actgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacc caccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 158**
중쇄 B	cagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcgagaccctgag cctgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctactggagctggatcag gaggagccctggcaagggcctggagtggatcggctacgtgcacaagagcggcgac accaactacagccccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagcaaga accaggtgagcctgtccctggtggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactg tgccaggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtggccttcaacgagtggttc acctacttctacatggacgtgtggggcaacggcacccaggtgaccgtgagctccgaca aaacccatacccaggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggc acctctgtgaaggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgc actgggtgcgcagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccac gagggcgacaagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactg ggacagaagcaccaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgatac cgccgtgtactactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgta cgacgatgacggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctgga attctggggccagggcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttcc accaagggcccatcggtcttcccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggca cagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtg gaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctca ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccaga cctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttga gcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgg ggggaccgtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccgg acccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaag ttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggag gagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggact ggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccca tcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacc ctgccccatgccgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaa aaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggag aacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactca	**서열 번호 159**

[1277]

	aaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtg atgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgaga gcgccagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccgga acaactacctggcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctg atctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcag cggcagcgacaaggacttcaccctgaagatcagccgggtggaaaccgagga cgtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagccccctggacctttggcc agggcaccaaggtggacatcaaggacaaaacccatacctccgacatcagcgt ggcccccggagagacagccaggatctcctgcggcgagaagagcctgggaa gcagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacaggctcccagcctgat catctacaacaaccaggacaggcccagcggcatccctgagaggttcagcgga agccccgacagcccccttcggaaccacagccaccctgaccatcacaagcgtgg aagccggcgacgaggccgactactactgccacatctgggacagcagggtgc ccaccaagtgggtgtttggcggcggcaccaccctgaccgtgctggataagacc catacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgag cagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccc cgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaa cagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcct gagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgta cgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttca accggggcgagtgt	
결합 단백질 21 의 아미노산 서열		
중쇄 A	qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydlhwvrsvpgqglqwmgwishe gdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydd dgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvn hkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevt cvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwl ngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkg fypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsv mhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 161**
경쇄 A	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikrtva apsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqds kdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 162**
중쇄 B	Evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdktht rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwik pqygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygd sswaldawgqgttvvvsadkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvk dyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicn vnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlm isrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrv vsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlpp crdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsf flyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	
경쇄 B	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv	**서열 번호 164**

[1278]

	psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikdkthtaseltqdpavs valkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnr asltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	
결합 단백질 21 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaa ggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcg cagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgac aagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagc accaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtact actgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgac ggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggcc agggcacagccgtgaccgtgtcatctgcttcgaccaagggccccagcgtgttccctct ggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtga aggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcgg cgtgcacaccttttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtc gtgacagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccaca agcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagac ccacacctgtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgtt ccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccccgaagtgacctgcgt ggtggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggc gtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcaccta ccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagta caagtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaa ggccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggac gagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccteceg atatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacc ccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaa gtcccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgca caaccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	서열 번호 165
경쇄 A	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg gcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaagcgtacg gtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtgg aaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagg acagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgact acgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagcccg tgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 166
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccccggcgaggaatat ttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccataccaga	서열 번호 167

[1279]

	gcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgggtg tcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggc ccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtgaa cttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgagat cgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgc cagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggca caaccgtggtggtgtctgccgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcggt cttcccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggctg cctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctg accagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctcag cagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgtg aatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgaca aaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtcagtctt cctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtcacat gcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgttga cggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaacagc acgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaagg agtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatctc caaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgccggg atgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagc gacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccac gcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaa gagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcac aaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtga ccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaa gcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgt gcccagcagatttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatc tgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggc agcagactgcacatcaaggacaaaacccataccgcatccgaactgactcaggaccct gccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattacttgccgaggcgactcactgcg gagccactacgcttcctggtatcagaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttct acggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagg gaaccgagccagtctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattacta ttgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaa actgaccgtcctcgataagacccatacccgtacggtggcccgctcccagcgtgttcatctt cccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaac aacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagc ggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcct gagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcct gcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggc gagtgt	**서열 번호 168**
결합 단백질 22 의 아미노산 서열		
중쇄 A	qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydlhwvrsvpgqglqwmgwishe gdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydd dgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvn hkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevt cvvvdvshedpevkfnwyvdgvevlhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwl ngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkg fypsdiavewesngqpennyklttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsv mhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 169**

[1280]

경쇄 A	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikrtva apsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqds kdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 170
중쇄 B	rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwik pqygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygd sswaldawgqgttvvvsadkthtevrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfd nawmtwvrqppgkglewvgritgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntknt lylemnnvrtedtgyyfcartgkyydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivss dkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgalts gvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepk scdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshed pevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkey kckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltknqvslwclvkg fypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsf	서열 번호 171
경쇄 B	aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgip drfsgsasgnrasltitgaqaedeadyyccssrdksgsrlsvfgggtkltvl dktht Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedg vpsrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhik dkthtrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgns qesvteqdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 172
결합 단백질 22 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaa ggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcg cagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgac aagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagc accaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtact actgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgac ggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggcc agggcacagccgtgaccgtgtcatctgcttcgaccaagggccccagcgtgttccctct ggccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtga aggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcgg cgtgcacaccttttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtc gtgacagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccaca agcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagac ccacacctgtccccctttgtcctgcccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgtt ccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgt ggtggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggc gtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcaccta ccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagta caagtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaa ggccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggac gagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccctccg atatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacc ccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaa gtcccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgca caaccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	서열 번호 173
경쇄 A	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg	서열 번호 174

[1281]

	gcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaagcgtacg gtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtgg aaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagg acagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgact acgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccg tgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
중쇄 B	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgacaaaacccataccgaggttagactggtggagtcag gagggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgcctgagctgttctgcctccggcttt gatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaagggactggagt gggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtccgtggactacgcggaatct gttaaagggcggtttacaatctcaagggacaataccaagaataccttgtatttggagatg aacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgccagaacaggcaaatacta cgacttctggtccggctatccccctggcgaggaatattttcaagactggggtcagggaa cccttgttatcgtgtcctccgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcggtct tcccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggctgcc tggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgac cagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctcagca gcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaa tcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaa actcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggggaccgtcagtcttcct cttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtcacatgc gtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacg gcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaacagcac gtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggag tacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagcccccatcgagaaaaccatctcca aagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgcccgggat gagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcga catcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgc ctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaaga gcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaa ccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	**서열 번호 175**
경쇄 B	gcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgtg actattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggcca tctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctg accattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccg ggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgacc gtcctcgacaaaacccatacctacatccacgtgacccagagccccagcagcct gtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaactgccagacctctcagggcg tgggcagcgacctgcactggtatcagcacaagcctggcagagccccaagct gctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagattttccg gcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgac	**서열 번호 176**

[1282]

	gacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagaactgcacatcaaggataagacccatacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 23 의 아미노산 서열		
중쇄 A	evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgritgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 177**
경쇄 A	Aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnraslttitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvlsqpkaapsvtlfppsseelqankatlvclisdfypgavtvawkadsspvkagvetttpskqsnnkyaassylsltpeqwkshrsyscqvthegstvektvaptecs	**서열 번호 178**
중쇄 B	rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswaldawgqgttvvvsadkthtQvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalyddd galnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	**서열 번호 179**
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasiscksshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtyihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvpsrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikdkthtrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 180**
결합 단백질 23 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	gaggttagactggtggagtcaggagggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgcctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaataccaagaataccttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccctggcgaggaatatttcaagactggggtcagggaaccttgttatcgtgtcctccgcgtcgaccaagggccc	**서열 번호 181**

[1283]

	cagcgtgttccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccct gggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcg ccctgaccagcggcgtgcacacctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacag cctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgc aacgtgaaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaaga gctgcgacaagacccacacctgtccccctttgtcctgccccgaactgctgggaggccc ttccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccg aagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattgg tacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagaggaggaacagta caacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaac ggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaa accatcagcaaggccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgccccc aagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggctt ctacccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaacta caagaccacccccccgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctga cagtggacaagtcccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacg aggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	
경쇄 A	gcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgtg actattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggcca tctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctg accattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccg ggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgacc gtcctcagtcagcccaaggctgccccctcggtcactctgttcccgccctcgagt gaggagcttcaagccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctac ccgggagccgtgacagtggcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcg ggagtggagaccaccacaccctccaaacaaagcaacaacaagtacgcggcc agcagctacctgagcctgacgcctgagcagtggaagtcccacagaagctaca gctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggagaagacagtggccccta cagaatgttca	**서열 번호 182**
중쇄 B	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgacaaaacccatacccaggtgcacctgacacagagc ggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgtcctgcaaggccctggc aacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagcgtgccaggacagggactg cagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtgatcgtggaacggttc aaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcaccaacaccgcctacctgcagctg agcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactgcgccaagggcagcaagcac cggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcgccctgaactgggccgtggat gtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgaccgtgtcat ctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcc tccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttcc ccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacacct tcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccct ccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaaca ccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccacc gtgcccagcacctgaactcctgggggggaccgtcagtcttcctcttcccccaaaacccca aggacaccctcatgatctcccggacccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgag	**서열 번호 183**

[1284]

	ccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatg ccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtc ctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctcca acaaagccctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccc cgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgccgggatgagctgaccaagaatcaa gtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtggg agagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactcc gacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcagg ggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaag agcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgaga gcgccagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaa caactacctggcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctga tctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagc ggcagcgacaaggacttcaccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggac gtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagccccctggacctttggcca gggcaccaaggtggacatcaaggacaaaacccatacctacatccacgtgacc cagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaactg ccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaagcct ggcagagccccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggc gtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatc agcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttct tcggcagaggcagcagactgcacatcaaggataagacccatacccgtacggt ggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccg gcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaa gtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaag cgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctg acactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtga cccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtg t	서열 번호 184
결합 단백질 24 의 아미노산 서열		
중쇄 A	evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgritgpge gwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyydfwsgypp geeyfqdwgqgtlvivssastkgpsvfplapssksts ggtaalgclvkdyfpepvtvs wnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkve pkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpev kfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkal papiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngq pennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslsls pg	서열 번호 185
경쇄 A	aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgip drfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvlsqpkaapsv tlfppsseelqankatlvclisdfypgavtvawkadsspvkagvetttpskqsnnkya assylsltpeqwkshrsyscqvthegstvektvaptecs	서열 번호 186
중쇄 B	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmg wishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskh rlrdyalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvss dkthtrahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewv gwikpqygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrs ygdsswaldawgqgttvvvsadkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgc lvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyi	서열 번호 187

[1285]

	cnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtl misrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevlhnaktkpreeqynstyr vvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlpp crdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsffl yskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg	
경쇄 B	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikdkthtdfvltqsphsls vtpgesasisckssqshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasgvpdrfsgsg sdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtrtvaapsvfifpp sdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysisst ltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 188**
결합 단백질 24 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagccccggtgggtctctccgcc tgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcc tccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtc cgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaataccaaga atacttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgc cagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccccctggcgaggaatattttca agactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgcgtcgaccaagggccccagcg tgttccctctggccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctg cctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgac cagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagca gcgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaac cacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaa gacccacacctgtccccctgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcct gttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgc gtggtggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacgg cgtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcaccta ccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtac aagtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgccccatcgagaaaaccatcagcaagg ccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgccccaagcagggacgag ctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccctccgatatc gccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccg gtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccac tacacccagaagtccctgagcctgagccccggcaag	**서열 번호 189**
경쇄 A	gcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgtg actattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccat ctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctga ccattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgg gataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgt cctcagtcagcccaaggctgccccctcggtcactctgttcccgccctcgagtgag gagcttcaagccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctacccgg gagccgtgacagtggcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcgggagt ggagaccaccacacccctccaaacaaagcaacaacaagtacgcggccagcagc tacctgagcctgacgcctgagcagtggaagtcccacagaagctacagctgcca ggtcacgcatgaagggagcaccgtggagaagacagtggcccctacagaatgtt ca	**서열 번호 190**
중쇄 B	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtga ccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaa	**서열 번호**

[1286]

	gcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgt gcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatct gcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggca gcagactgcacatcaaggacaaaacccataccgacttcgtgctgacccagagccctca cagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccagcatcagctgcaagagcagccactc cctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtacgtgcagaagcccggcaga tcccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagatt ttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaagatcagccgggtggaaaccga ggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagcccctggacctttggccag ggcaccaaggtggacatcaaggataagacccatacccgtacggtggccgctccc agcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctct gtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaag gtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcag gacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagg ccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcct gtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**191**
경쇄 B	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacag agtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggt atcagcacaagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagc gtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttc aacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcagg tgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaaggacaaaacccata ccgacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgag agcgccagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccgga acaactacctggcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctga tctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcg gcagcgacaaggacttcaccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgt gggcacctactactgtatgcagggcagagagagcccctggacctttggccagg gcaccaaggtggacatcaaggataagacccatacccgtacggtggccgctccc agcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctct gtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaag gtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcag gacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagg ccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcct gtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 192**
결합 단백질 25 의 아미노산 서열		
중쇄 A	qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefi***dctln***wirlapgkrpewmg***wlkprg gavnyarplqg***rvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctr***gkncdynwdfeh***wgr gtpvivssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvh tfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcp pcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgve vhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskak gqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppv ldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 193**
경쇄 A	eivltqspgtlslspgetaiisc***rtsqygsla***wyqqrpgqaprlviy***sgstraa***gipdrfs gsrwgpdynltisnlesgdfgvyyc***qqyef***fgqgtkvqvdikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltls kadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 194**
중쇄 B	evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgrit gpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyy dfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvqlvesgggvvqpgtslrls	**서열 번호 195**

[1287]

	caasqfrfdgygmlhwvrqapgkglewvasishdgikkyhaekvwgrftisr dnsknt lylqmnslrpedtalyycakdlredeceewwsdyydfgkqlpcaks rgglvgiadnwgqgtmvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpsssl gtqtyic nvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtl misrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevlhnaktkpreeqynstyr vvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlpp crdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyk ttppvldsdgsffl yskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	
경쇄 B	qsvltqppsvsaapgqkvtiscsgntsnignnfvswyqqrpgrapqlliyetdkrpsgi pdrfsasksgtsgtlaitglqtgdeadyyc atwaaslssarvfgtgtkvivldkthtaselt qdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsg sasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaapsvfif ppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysl sstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 196**
결합 단백질 25 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcgg atcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcaccctgaactggatcagact ggcccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggagccgt gaactacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtacagcgat accgccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttctgcacc cggggcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagaggcaccct gtgatcgtgtcaagcgcgtcgaccaagggccccagcgtgttccctctggccctagcag caagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccg agcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcca gctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagtgcccagca gctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccagcaacaccaa ggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacctgtccccttgt cctgccccc gaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttcccccc aaagcccaagga caccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccacg aggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaa gaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgac cgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaag gccctgcctgccccc atcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcccc gcgaa ccccaggtgtgcacactgccccc aagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcc ctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaa cggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctc attcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggtggcagcagggcaacgtgtt cagctgctccgtgctgcatgaggctctgcacagccactacacgcagaagagcctctccc tgtctccgggt	
경쇄 A	Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagcc atcatcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcctg gacaggcccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatccccg atagattcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacctggaa agcggcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggcaccaa ggtgcaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctag cgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccc ccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagcc aggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcacc ctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacc caccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 198**

[1288]

중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgcct gagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcct ccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtcc gtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaataccaagaat accttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgcca gaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccctggcgaggaatattttcaag actggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccaggtgcagt tggtggagtctgggggaggcgtggtccagcctgggacgtccctgagactctcctgtgca gcctctcaattcaggtttgatggttatggcatgcactgggtccgccaggccccaggcaag gggctggagtgggtggcatctatatcacatgatggaattaaaaagtatcacgcagaaaaa gtgtggggccgcttcaccatctccagagacaattccaagaacacactgtatctacaaatg aacagcctgcgacctgaggacacggctctctactactgtgcgaaagatttgcgagaaga cgaatgtgaagagtggtggtcggattattacgattttgggaaacaactcccttgcgcaaag tcacgcggcggcttggttggaattgctgataactggggccaagggacaatggtcaccgt ctcttcagataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcggtcttcccccctggcacc ctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactac ttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcaca ccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgc cctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaac accaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccacc gtgcccagcacctgaactcctgggggggaccgtcagtcttcctcttcccccaaaacccaa ggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagcc acgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgcc aagacaaagccgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctc accgtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaaca aagccctcccagccccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgag aaccacaggtgtacaccctgccccccatgcccgggatgagctgaccaagaatcaagtcag cctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagca atgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctc cttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtctt ctcatgctccgtgctgcatgaggctctgcacagccactacacgcagaagagcctctccct gtctccgggt	서열 번호 199
경쇄 B	cagtctgtgctgacgcagccgccctcagtgtctgcggccccaggacagaaggt caccatctcctgctctggaaacacctccaacattggcaataattttgtgtcctggtat caacagcgccccggcagagccccccaactcctcatttatgaaactgacaagcga ccctcagggattcctgaccgattctctgcttccaagtctggtacgtcaggcaccct ggccatcaccgggctgcagactggggacgaggccgattattactgcgccacat gggctgccagcctgagttccgcgcgtgtcttcggaactgggaccaaggtcatcg tcctggacaaaacccatacccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgt ggcactgaagcagactgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagcca ctacgcttcctggtatcagaagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctac ggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcag gaaccgagccagtctgaccattacccggcgcccaggctgaggacgaagccga ttactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggagg aggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatacccgtacggtggccgctcc cagcgtgttcatcttccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctct gtcgtgtgcctgctgaacaacttctatccccccgcgaggccaaagtgcagtggaag gtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcag gacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagg ccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcct gtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 200
결합 단백질 26의 아미노산 서열		

[1289]

중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqts***gytftahi***lfwfrqapgrglewvgw***ikpqyg av***nfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycar***drsygdsswalda***wg qgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgv htfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtc ppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgv evhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiska kgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttpp vldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	서열 번호 201
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqts***qgvgsd***lhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvp srfsgsgf***hts***fnltisdlqaddiatyyc***qvlqff***grgsrlhikrtvaapsvfifppsdeql ksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlska dyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 202
중쇄 B	evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgrit gpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgkyy dfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvqlvesgggvvqpgtslrls caasqfrfdgygmhwvrqapgkglewvasishdgikkyhaekvwgrftisr dnskntlylqmnslrpedtalyycakdlredeceewwsdyydfgkqlpcaks rgglvgiadnwgqgtmvtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyic nvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtl misrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyr vvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlpp crdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsffl ysskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	서열 번호 203
경쇄 B	qsvltqppsvsaapgqkvtiscsgntsnignnfvswyqqrpgrapqlliyetdkrpsgi pdrfsasksgtsgtlaitglqtgdeadyycatwaaslssarvfgtgtkvivldkthtaselt qdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsg sasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaapsvfif ppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysl sstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 204
결합 단백질 26 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcggg tgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcagg ccccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtgaa cttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgaccccgggacgtgtaccgcgagatc gcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgcca gagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaa ccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggccctagca gcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttccc gagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcc agctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagtgcccagc agctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccagcaacacca aggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacctgtccccctg tcctgccccgaactgctgggaggccccttccgtgttcctgttccccccaaagcccaagga caccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccacg aggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaa gaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgac cgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaag gccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgaa ccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcc ctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaa	서열 번호 205

[1290]

	cggccagcccgagaacaactacaagaccaccccccctgtgctggacagcgacggctc attcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggtggcagcagggcaacgtgtt cagctgctccgtgctgcatgaggctctgcacagccactacacgcagaagagcctctccc tgtctccgggt	
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtga ccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaa gcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacacaagcagcgtggaagatggcgt gcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatct gcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcag cagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcga cgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccg cgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccagg aaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctga cactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccacc agggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 206
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgcct gagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcct ccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtcc gtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacaagaat accttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgcca gaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccctggcgaggaatattttcaag actggggtcagggaaccctgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccaggtgcagt tggtggagtctgggggaggcgtggtccagcctgggacgtccctgagactctcctgtgca gcctctcaattcaggtttgatggttatggcatgcactgggtccgccaggccccaggcaag gggctggagtgggtggcatctatatcacatgatggaattaaaaagtatcacgcagaaaaa gtgtggggccgcttcaccatctccagagacaattccaagaacacactgtatctacaaatg aacagcctgcgacctgaggacacggctctctactactgtgcgaaagatttgcgagaaga cgaatgtgaagagtggtggtcggattattacgattttgggaaacaactcccttgcgcaaag tcacgcggcggcttggttggaattgctgataactggggccaagggacaatggtcaccgt ctcttcagataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcggtcttcccctggcacc ctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactac ttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcaca ccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgc cctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaac accaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccacc gtgcccagcacctgaactcctggggggaccgtcagtcttcctcttcccccaaaacccaa ggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagcc acgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgcataatgcc aagacaaagccgcgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctc accgtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaaca aagccctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgag aaccacaggtgtacaccctgcccccatgcccgggatgagctgaccaagaatcaagtcag cctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagca atgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctc cttcttcctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtctt ctcatgctccgtgctgcatgaggctctgcacagccactacacgcagaagagcctctcct gtctccgggt	서열 번호 207
경쇄 B	cagtctgtgctgacgcagccgccctcagtgtctgcggccccaggacagaaggtcaccat ctcctgctctggaaacacctccaacattggcaataattttgtgtcctggtatcaacagcgcc ccggcagagccccccaactcctcatttatgaaactgacaagcgaccctcagggattcctg accgattctctgcttccaagtctggtacgtcaggcaccctggccatcaccgggctgcaga ctggggacgaggccgattattactgcgccacatgggctgccagcctgagttccgcgcgt gtcttcggaactgggaccaaggtcatcgtcctggacaaaacccataccgcatccgaact gactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattacttgccgagg	서열 번호 208

[1291]

	cgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcagaagaaacccggccaggcacct gtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttctggca gtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaag ccgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggagga ggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatacccgtacggtggccgctcccagcgt gttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcct gctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctg cagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccaccta cagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgta cgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccgg ggcgagtgt	
결합 단백질 27 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqts***gytftahi***lfwfrqapgrglewvgw***ikpqyg av***nfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycar***drsygdsswalda***wg qgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgv htfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtc ppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgv evhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiska kgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttpp vldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 209**
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfqltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsdeq lksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlsk adyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 210**
중쇄 B	Evrlvesgggvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgri tgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgky ydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsvk vsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvti dwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavdvd ylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdy fpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnh kpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtp evtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltv lhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlppcrdeltk nqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltv dksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 211**
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassra sgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthta seltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdr fsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtvaaps vfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdst yslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 212**
결합 단백질 27 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgt gaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcga gatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgc gccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccaggg	**서열 번호 213**

[1292]

	cacaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggccc ctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgca caccttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgaca gtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagccca gcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacac ctgtccccttgtcctgcccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccccc aaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggt ggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaa gtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggt ggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtg caaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaa gggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctg accaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgc cgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctg tgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccgg tggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgctgcacgaggccctgcacagccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggc	
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtga ccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaa gcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgt gcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttccagctgaccatcagcgatc tgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggc agcagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctag cgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacc cccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacag ccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtga cccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 214**
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaataccttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccag gtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtg tcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaaga aagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcacca acaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactg cgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcg ccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagg gcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatc ggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctggg ctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgcc ctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccct cagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaac gtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtg acaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggggaccgtcag tcttcctcttcccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccctgaggtca catgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgtt gacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaaca gcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaa	**서열 번호 215**

[1293]

	ggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccccatcgagaaaaccat ctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatccc agcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaaga ccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtgg acaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctct gcacagccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg gcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagccccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaa acccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcaga ctgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctgg catccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccg gcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggct ccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatac ccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagt ccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagt gcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaa ggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgt ctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 28 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqts***gytftahi***lfwfrqapgrglewvgw***ikpqy gav***nfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycar***drsygdsswalda*** wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 217**
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdllhwyqhkpgrapkllihhtssveegv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 218**
중쇄 B	Evrlvesgglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsv kvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkak vtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwav dvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyi cnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdt lmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynsty rvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlp pcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgs fflyskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 219**

[1294]

경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth taseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteq dskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 220
결합 단백질 28 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggca ggcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagcccagtatggcgccg tgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcg agatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactg cgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagg gcacaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggc ccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaagg actactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtg cacacctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtga cagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagc ccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccca cacctgtccccctgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccc cccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggt ggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtg gaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctacc gggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtaca agtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaagg ccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacga gctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccctccgata tcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccccc cctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtc ccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgctgcacgaggccctgcacag ccactacacccagaagtcctgagcctgagccccggc	서열 번호 221
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtg accatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcac aagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagaagg cgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagc gatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcaga ggcagcagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccac ctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaactt ctaccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggc aacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctga gcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgc gaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	서열 번호 222
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatatacttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccag gtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggt gtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcag cgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaag	서열 번호 223

[1295]

	aaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcacc aacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactact gcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacgg cgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccag ggcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccat cggtcttcccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgg gctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgc cctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccc tcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaa cgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgt gacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtca gtcttcctcttcccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccctgaggt cacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtat gttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaa cagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggc aaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaacc atctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgccccatgc cgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcc cagcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaag accacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtg gacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctc tgcacagccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg gcttggtacgtgcagaagcccggcagatcccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaa acccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcaga ctgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaatagccatctgg catccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccg gcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggct ccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatac ccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaag tccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagt gcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaa ggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgt ctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 224
결합 단백질 29 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqts***gytftahi***lfwfrqapgrglewvgw***ikpqy gav***nfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycar***drsygdsswalda*** wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	서열 번호 225
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedav psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl	서열 번호 226

[1296]

	skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	
중쇄 B	Evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsv kvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkak vtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwav dvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglylsssvvtvpssslgtqtyi cnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdt lmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynsty rvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlp pcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyklppvldsdgs fflyskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	서열 번호 227
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth taseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteq dskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 228
결합 단백질 29 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttcctctggcccc tagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcac acctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagt gcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccag caacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacct gtccccctgtcctgcccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttcccccaa agcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtgg atgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgc aaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag ggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacgagctga ccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgcc gtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgt gctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggt ggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgctgcacgaggccctgcacagccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggc	서열 번호 229
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagcccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtga ccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaa gcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatgccgt gcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatc tgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggc agcagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctag cgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacc	서열 번호 230

[1297]

	cccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacag ccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtga cccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaataccа agaataccttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatccccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccag gtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtg tcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaaga aagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcacca acaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactg cgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcg ccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccaggg cacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcg gtcttcccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggct gcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccct gaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctca gcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgt gaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtga caaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggggaccgtcagt cttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtca catgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgtt gacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaaca gcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaa ggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccat ctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatccc agcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaaga ccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtgg acaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctct gcacagccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	**서열 번호 231**
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcc agcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctg gcttggtacgtgcagaagcccggcagatcccccagctgctgatctacctggccagca gcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttca ccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagg gcagagagagccccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaa acccatacccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcaga ctgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcaga agaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctgg catccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattaccg gcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggct ccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccatac ccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagt ccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagt gcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgacc gagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaa ggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgt ctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 301**

[1298]

결합 단백질 30의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqts***gytftahi***lfwfrqapgrglewvgw***ikpqy gav***nfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycar***drsygdsswalda*** wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	서열 번호 232
경쇄 A	yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssveegv psrfsgsgfhtsfqltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsde qlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 233
중쇄 B	Evrlvesgggvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsv kvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkak vtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwav dvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyi cnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdt lmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynsty rvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlp pcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgs fflyskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	서열 번호 234
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasisckssh slihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth taseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteq dskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 235
결합 단백질 30의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcag gcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtg aacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgaccccgggacgtgtaccgcgag atcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcg ccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggc acaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggcccc tagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcac acctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagt gcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccag caacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagacccacacct gtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttcccccaa agcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtgg atgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgc	서열 번호 236

[1299]

	aaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag ggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgccccccaagcagggacgagctga ccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgatatcgcc gtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgt gctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtcccggt ggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgctgcacgaggccctgcacagccact acacccagaagtccctgagcctgagccccggc	
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtga ccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaa gcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagaaggcg tgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttccagctgaccatcagcgat ctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagagg cagcagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccaccta gcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctac ccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaaca gccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcag caccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagt gacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 237
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaacccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccag gtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtg tcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaaga aagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcacca acaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactg cgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcg ccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccaggg cacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccatcg gtcttccccctggcacccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggct gcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccct gaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctca gcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgt gaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtga caaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtcagt cttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggaccccctgaggtca catgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtatgtt gacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaaca gcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaa ggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccat ctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatccc agcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaaga ccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtgg acaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctct gcacagccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	서열 번호 238
경쇄 B	Gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgc cagcatcagctgcaagagcagccactcctgatccacggcgaccggaacaactacct ggcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagc agcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttc	서열 번호 239

[1300]

	accctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcag ggcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaa aacccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcag actgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcag aagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctg gcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattacc ggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggc tccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccata cccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaa gtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaa gtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtga ccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagc aaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcct gtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 31 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqts***gytftahi***lfwfrqapgrglewvgw***ikpqy*** ***gav***nfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycar***drsygdsswalda*** wgqgttvvvsaastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswnsgal tsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscd kthtcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnw yvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapi ektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 240**
경쇄 A	Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssveda vpsrfsgsgfhtsfqltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 241**
중쇄 B	Evrlvesggglvkpggslrlscsasgfdfdnawmtwvrqppgkglewvgr itgpgegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtgyyfcartgk yydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsv kvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkak vtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwav dvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvfplapsskstsggtaalgcl vkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtqtyi cnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtcppcpapellggpsvflfppkpkdt lmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynsty rvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvytlp pcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgs fflyskltvdksrwqqgnvfscsvlhealhshytqkslslspg	**서열 번호 242**
경쇄 B	dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassr asgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkth taseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgi pdrfsgsasgnrasltitgaqaedeadyycssrdksgsrlsvfgggtkltvldkthtrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteq dskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 243**
결합 단백질 31 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgg gtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggca ggccccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccg	**서열 번호 244**

[1301]

	tgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcg agatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactg cgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagg gcacaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggccccagcgtgttccctctggc ccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgccctgggctgcctcgtgaagg actactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtg cacacctttccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtcgtga cagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagc ccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccca cacctgtccccttgtcctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgttcctgttccc cccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccgaagtgacctgcgtggt ggtggatgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtg gaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctacc gggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtaca agtgcaaggtgtccaacaaggccctgcctgcccccatcgagaaaaccatcagcaagg ccaagggccagccccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggacga gctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctacccctccgata tcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccc cctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgacagtggacaagtc ccggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgctgcacgaggccctgcacag ccactacacccagaagtccctgagcctgagccccggc	
경쇄 A	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtg accatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcac aagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatgc cgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttccagctgaccatcagc gatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcaga ggcagcagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccac ctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaactt ctaccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggc aacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctga gcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgc gaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	**서열 번호 245**
중쇄 B	gaggttagactggtggagtcaggaggggggcttgtgaagcccggtgggtctctccgc ctgagctgttctgcctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcag cctccaggtaagggactggagtgggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctg gtccgtggactacgcggaatctgttaaagggcggtttacaatctcaagggacaatacca agaatacttgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattacttct gtgccagaacaggcaaatactacgacttctggtccggctatcccctggcgaggaatat tttcaagactggggtcagggaaccttgttatcgtgtcctccgacaaaacccatacccag gtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggt gtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcag cgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaag aaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcacc aacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactact gcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacgg cgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccag ggcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgcttccaccaagggcccat cggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgg gctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgc cctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccc tcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaa cgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgt gacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggggaccgtca	**서열 번호 246**

[1302]

	gtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccctgaggt cacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtat gttgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgcgggaggagcagtacaa cagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggc aaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaacc atctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgccccatgc cgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgcctggtaaaaggcttctatcc cagcgacatcgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaag accacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctactcaaaactcaccgtg gacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctc tgcacagccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt	
경쇄 B	Gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgc cagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacct ggcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagc agcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttc accctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcag ggcagagagagcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaa aacccataccgcatccgaactgactcaggaccctgccgtctctgtggcactgaagcag actgtgactattacttgccgaggcgactcactgcggagccactacgcttcctggtatcag aagaaacccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaatagccatctg gcatccccgaccgcttttctggcagtgcatcagggaaccgagccagtctgaccattacc ggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcgg ctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagacccat acccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctga agtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaa agtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtg accgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgag caaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcc tgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 247
결합 단백질 32 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqyg avnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswaldawg qgttvvvsaastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgv htfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcpp cpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvev hnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakg qprepqvytlppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttpp vldsdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	서열 번호 302
경쇄 A	Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsdeq lksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlsk adyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 303
중쇄 B	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckas***gytftsyy***ihwvrqapgqglewigs***i ypgnvnt***nyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyc***trshygldw nfdv***wgkgttvtvsssqvqlvesgggvvqpgrslrlscaas***gftftkaw***mhw vrqapgkqlewvaq***ikdksns***yatyyadsvkgrftisrddsknlylqmnslr aedtavyyc***rgvyyalspfdy***wgqgtlvtvssrtastkgpsvfplapcsrstses taalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpsssl gtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkp kdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfns tyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctl ppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsd	서열 번호 304

[1303]

	gsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasiscks***qslvhnnanty***lswylqkpgqspqsliy***kvs***nrfsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyyc***gqgtqyp***ftfgsgtkveikgqpkaapdiqmtqspsslsasvgdrvtitcqas***qniyvw***lnwyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsgsgsgtdftltisslqpediatyyc***qqgqtypyt***fgqgtkleiktkgpsrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 305**
결합 단백질 32 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgggtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgagatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggcccctcggtgttcctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	**서열 번호 306**
경쇄 A	Tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaagcctggcagagccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 307**
중쇄 B	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggtgtcctgcaaggccagcggctacaccttttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaactacgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgcctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggtcccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgtctagcagccaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccg	**서열 번호 308**

[1304]

	tgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaac cctcgtgaccgtgtctagtcggaccgccagcacaaagggcccatcggtgttccctctggc cccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcaca cctttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcc cagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaac accaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggcccctccctgccctccttgcccagcc cctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctga tgatcagccggaccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatccc gaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcc cagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcacc aggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccag ctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtgta ccctgcccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtg aaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgaga acaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaa gctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgc acgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaag atcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagta ccccttcaccttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcc cccgacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagag tgaccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcaga agcccggcaaggcccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgt gcccagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctg cagcccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctacccctacaccttt ggccagggcaccaagctggaaatcaagaccaagggccccagccgtacggtggccgct cccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtc gtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaa cgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactc cacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaag gtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaac cggggcgagtgt	서열 번호 309
결합 단백질 33 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikpqygа vnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdsswaldawgqg ttvvvsaastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfp avlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpape flggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktk preeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqv ytlppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsff lyskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	서열 번호 310
경쇄 A	Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdllhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvp srfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikrtvaapsvfifppsdeqlks gtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskadye khkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 311
중쇄 B	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvlhwvrqppgkglewlgviwa gggtnynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysm dywgqgttvtvsssqvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmlhwvrq	서열 번호 312

[1305]

	apgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvssrtastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennyk ttppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikgqpkaapdivltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnvesgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleiktkgpsrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 313**
결합 단백질 33 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgggtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggccccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgagatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtggtggtgtctgccgcctctacaaagggcccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	**서열 번호 314**
경쇄 A	Tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaagcctggcagagccccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgccccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 315**
중쇄 B	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagccacctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaacta	**서열 번호 316**

[1306]

	caaccccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtg tccctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagaga caagggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccg tgtcatcctctcaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaa gcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactggg tgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaa cagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggac gacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccg tgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaac cctcgtgaccgtgtctagtcggaccgcttcgaccaagggcccatcggtgttccctctggcc ccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacac ctttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgccc agcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaaca ccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagccc ctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgat gatcagccggaccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccg aggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagccc agagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcacca ggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagc tccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtgtac cctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtga aaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaa caactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaag ctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgca cgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaag atcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagta ccccttcacctttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcc cccgacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggc caccatcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtg gtatcagcagaagcccggccagccccccaagctgctgatttttcgccgccagcaacgtgg aaagcggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgacca tcaaccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggt gccctacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagaccaagggccccagccgta cggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcagtgga aggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacg agaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgacc aagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 317
결합 단백질 34 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwisheg dkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddga lnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfp epvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkv dkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpe vqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkgl pssiektiskakgqprepqvytlppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesng qpennykttppvldsdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslsls	서열 번호 318

[1307]

	lgk	
경쇄 A	Dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 319
중쇄 B	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckas***gytftsyy***ihwvrqapgqglewigs***iy pgnvnt***nyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyc***trshygldwnf dv***wgkgttvtvsssqvqlvesgggvvqpgrslrlscaas***gftftkaw***mhwvrqapgkqlewvaq***ikdksns***yatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedtavyyc***rgvyyyalspfdy***wgqgtlvtvssrtastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennyklppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	서열 번호 320
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckss***qslvhnnanty***lswylqkpgqspqsliy***kvs***nrfsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyyc***gqgtqyp***ftfgsgtkveikgqpkaapdiqmtqspsslsasvgdrvtitcqas***qniyvw***lnwyqqkpgkapklliy***kas***nlhtgvpsrfsgsgsgtdftlsslqpediatyyc***qqgqtypyt***fgqgtkleiktkgpsrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 321
결합 단백질 34 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcaccaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgaccgtgtcatctgcttcgaccaagggcccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctccttgcccagcccctgaatttctggcggaccctccgtgttcctgttcccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctacccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 322
경쇄 A	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagag	서열 번호 323

[1308]

	agcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcc cagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtg tgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgc cctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccac ctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtg tacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccg gggcgagtgt	
중쇄 B	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggt gtcctgcaaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggc ccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaact acgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgc ctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggt cccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtg tctagcagccaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaa gcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactggg tgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaa cagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggac gacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccg tgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaac cctcgtgaccgtgtctagtcggaccgccagcacaaagggcccatcggtgttccctctggc cccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcaca cctttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcc cagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaac accaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctccttgcccagcc cctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctga tgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtccaggaagatccc gaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcc cagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcacc aggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccag ctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtgta ccctgcccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtg aaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgaga acaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaa gctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgc acgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	**서열 번호 324**
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaag atcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagta ccccttcacctttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcc cccgacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagag tgaccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcaga agcccggcaaggccccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgt gcccagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctg cagcccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctaccccctacacctttt ggccagggcaccaagctggaaatcaagaccaagggccccagccgtacggtggccgct cccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtc gtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaa cgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactc cacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaag gtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaac cggggcgagtgt	**서열 번호 325**

[1309]

결합 단백질 35 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydlhwvrsvpgqglqwmgwisheg dkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddga lnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfp epvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkv dkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpe vqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkgl pssiektiskakgqprepqvytlppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesng qpennykttppvldsdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslsls lgk	서열 번호 326
경쇄 A	Dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassras gvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikrtvaapsv fifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 327
중쇄 B	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvhwvrqppgkglewlgviwa gggtnynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysm dywgqgttvtvsssqvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrq apgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedt avyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvssrtastkgpsvfplapcsrstsestaalg clvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktyt cnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmis rtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvlt vlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsqeemt knqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskltv dksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	서열 번호 328
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikgqpkaa pdivltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnv esgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleiktkgpsrt vaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqd skdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 329
결합 단백질 35 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaagg tgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaagaaa gtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcaccaacac cgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactgcgccaa gggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcgccctgaac tgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgt gaccgtgtcatctgcttcgaccaagggcccctcggtgttccctctggccccttgcagcaga agcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagccc gtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttttccagccgtg ctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcct gggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggac aagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgg gcggaccctccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccgga ccccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttca attggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaaca gttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaa cggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaa accatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgccccccttg ccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccc	서열 번호 330

[1310]

	cagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagacc acccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggaca agagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcac aaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 A	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccag catcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggctt ggtacgtgcagaagcccggcagatcccccagctgctgatctacctggccagcagcaga gccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaa gatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagag agcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaagcgtacggtggccgctcc cagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtg tgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgc cctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccac ctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtg tacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccg gggcgagtgt	서열 번호 331
중쇄 B	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagc cacctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaacta caaccccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtg tccctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagaga caagggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccg tgtcatcctctcaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaa gcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactggg tgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaa cagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggac gacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccg tgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaac cctcgtgaccgtgtctagtcggaccgcttcgaccaagggcccatcggtgttccctctggcc ccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggacta ctttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacac ctttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgccc agcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggacacacaagcccagcaaca ccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggcccctccctgccctccttgcccagccc ctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgat gatcagccggaccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccg aggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagccc agagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcacca ggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagc tccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtgtac cctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtga aaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaa caactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaag ctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgca cgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 332
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaag atcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagta ccccttcaccttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcc cccgacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggc caccatcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtg gtatcagcagaagcccggccagccccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtgg	서열 번호 333

[1311]

	aaagcggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgacca tcaaccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggt gccctacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagaccaagggccccagccgta cggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcagtgga aggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacg agaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgacc aagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 36의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprg gavnyarplqgrvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctrgkncdynwdfehwgrg tpvivssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfp avlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpape flggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktk preeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqv ytlppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsff lysktvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 334**
경쇄 A	Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqygslawyqqrpgqaprlviysgstraagipdrfsg srwgpdynltisnlesgdfgvyycqqyeffgqgtkvqvdikrtvaapsvfifppsdeql ksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskad yekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 335**
중쇄 B	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckas***gytftsyy***ihwvrqapgqglewigs***iy pgnvnt***nyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyc***trshygldwnf dv***wgkgttvtvsssqvqlvesgggvvqpgrslrlscaas***gftftkaw***mhwvrq apgkqlewvaq***ikdksns***yatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedt avyyc***rgvyyyalspfdy***wgqgtlvtvssrtastkgpsvfplapcsrstsestaalg clvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktyt cnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmis rtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvl tvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsqeemt knqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskltv dksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 336**
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckss***qslvhnnanty***lswylqkpgqspqsliy***kvs***n rfsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyyc***gqgtqyp***ftfgsgtkveikgqpkaa pdiqmtqspsslsasvgdrvtitcqas***qniyvw***lnwyqqkpgkapklliy***kas***nlhtg vpsrfsgsgsgtdftltisslqpediatyyc***qqgqtypyt***fgqgtkleiktkgpsrtvaaps vfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdst yslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 337**
결합 단백질 36의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcgga tcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcaccctgaactggatcagactgg cccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggagccgtgaa ctacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtacagcgataccg ccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttctgcacccggg gcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagaggcacccctgtgatc gtgtcaagcgcgtcgaccaagggcccctcggtgttcctctggccccttgcagcagaagc accagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtg accgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctcc agagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggc accaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagc gggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagccctgaatttctgggcgg	**서열 번호 338**

[1312]

	accctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccc cgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattg gtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttc aacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacgg caaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaacca tcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgccccttgccag gaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagc gacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccc ccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagag ccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaacc actacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 A	Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccat catcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcctgga caggcccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatccccgata gattcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacctggaaagc ggcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggcaccaaggtg caggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgac gagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgc gaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaa agcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacac tgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccaggg cctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 339
중쇄 B	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggt gtcctgcaaggccagcggctacaccttttaccagctactacatccactgggtgcgccaggc ccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaact acgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgc ctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggt cccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtg tctagcagccaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaa gcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactggg tgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaa cagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggac gacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccg tgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaac cctcgtgaccgtgtctagtcggaccgccagcacaaagggcccatcggtgttccctctggc cccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggact actttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcaca cctttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcc cagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaac accaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcc cctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctga tgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatccc gaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcc cagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcacc aggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccag ctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtgta ccctgcccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtg aaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgaga acaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaa gctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgc acgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 340
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat	서열 번호 341

[1313]

	tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaag atcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagta ccccttcaccttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcc cccgacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagag tgaccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcaga agccccggcaaggcccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgt gcccagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctg cagcccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctaccccctacaccttt ggccagggcaccaagctggaaatcaagaccaagggccccagccgtacggtggccgct cccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtc gtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaa cgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactc cacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaag gtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaac cggggcgagtgt	
결합 단백질 37 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprg gavnyarplqgrvtmtrdvysdtaflelrsltvddtavyfctrgkncdynwdfelhwgrg tpvivssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfp avlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpape flggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktk preeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqv ytlppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsff lyskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 342**
경쇄 A	Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqygslawyqqrpgqaprlviysgstraagipdrfsg srwgpdynltisnlesgdfgvyycqqyeffgqgtkvqvdikrtvaapsvfifppsdeql ksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskad yekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 343**
중쇄 B	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvlhwvrqppgkglewlgviwa gggtnynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysm dywgqgttvtvsssqvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrq apgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedt avyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvssrtastkgpsvfplapcsrstsestaalg clvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktyt cnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmis rtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvlt vlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsqeemt knqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskltv dksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 344**
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikgqpkaa pdivltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnv esgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleiktkgpsrt vaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqd skdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 345**
결합 단백질 37 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcgga tcagctgcagagccagcggctacgagttcatcgactgcaccctgaactggatcagactgg cccctggcaagcggcctgagtggatgggatggctgaagcctagaggcggagccgtgaa ctacgccagacctctgcagggcagagtgaccatgacccgggacgtgtacagcgataccg ccttcctggaactgcggagcctgaccgtggatgataccgccgtgtacttctgcacccggg gcaagaactgcgactacaactgggacttcgagcactggggcagaggcacccctgtgatc	**서열 번호 346**

[1314]

[1315]

	gtgtcaagcgcgtcgaccaagggcccctcggtgttccctctggcccccttgcagcagaagc accagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtg accgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacacctttccagccgtgctcc agagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggc accaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagc gggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcgg accctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccc cgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattg gtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttc aacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacgg caaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaacca tcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgccccctgccag gaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagc gacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccc ccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagag ccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaacc actacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 A	Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccat catcagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcctggac aggccccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgccggaatccccgatag attcagcggctccagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacctggaaagcg gcgacttcggcgtgtactactgccagcagtacgagttcttcggccagggcaccaaggtgc aggtggacatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacg agcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcga ggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaag cgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactg agcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcc tgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 347
중쇄 B	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagcc acctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaactaca accccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtc cctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagagaca agggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccgtg tcatcctctcaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagc ctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtg cgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggccccagatcaaggacaagagcaac agctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacg acagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccgt gtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaacc ctcgtgaccgtgtctagtcggaccgcttcgaccaagggcccatcggtgttccctctggccc cttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactact ttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccctt ccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccag cagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacacc aaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagccct gaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatga tcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgag gtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccag agaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccagg actggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctcc atcgagaaaaccatcagcaagggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtgtaccct gcccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaag gcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaa	서열 번호 348

	ctacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctg accgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacga ggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaaga tcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagtac ccccttcaccttttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcccc cgacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggcca ccatcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggt atcagcagaagcccggccagccccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtggaa agcggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaccatc aaccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggtgc cctacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagaccaagggccccagccgtacg gtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcaca gcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaag gtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagc aaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgaga agcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaag agcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 38 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgytftsyyihwvrqapgqglewigsiypgnv ntnyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwnfdvwgkgttv tvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavl qssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflg gpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpre eqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytlp pcqeemtknqvslwlcvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflysk ltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 350**
경쇄 A	Diqmtqspsslsasvgdrvtitcqasqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgv psrfsgsgsgtdftltisslqpediatyycqqgqtypytfgqgtkleikrtvaapsvfifpps deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 351**
중쇄 B	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikp qygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdssw aldawgqgttvvvsasqvqlvesgggvvqppgrslrlscaasgftftkawmhw vrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslra edtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvssrtastkgpsvfplapcsrstsesta algclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtk tytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtl misrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvv svltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsqee mtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskl tvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 352**
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikgqpkaa pyihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhiktkgpsrtvaapsvfifpp sdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 353**
결합 단백질 38 의 뉴클레오티드 서열		

[1316]

중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggt gtcctgcaaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggc ccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaact acgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgc ctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggt cccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgt ctagcgcgtcgaccaagggccccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcacca gcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttccgagcccgtgaccg tgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagag cagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacca agacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggt ggaatctaagtacggcccctccctgccctccttgcccagccgaatttctgggcggaccc tccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaa gtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacg tggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacag cacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaag agtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagc aaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtatacctgccccctgccaggaaga gatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacatt gccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 354
경쇄 A	Gacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagagtga ccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagc ccggcaaggccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcc cagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctgcag cccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctacccctacaccttggc cagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccca cctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttct acccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgcagagcggcaaca gccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgac ccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 355
중쇄 B	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgggt gtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggcc cctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtgaactt cggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgagatcgcct acatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgccagagac agaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtgg tggtgtctgcctctcaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggca gaagcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcact gggtgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaaga gcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgg gacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccg ccgtgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccaggg aaccctcgtgaccgtgtctagtcggaccgcttcgaccaagggcccatcggtgttccctctg gcccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaagga ctactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcac accttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgc ccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaa caccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagc ccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctg atgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatccc	서열 번호 356

[1317]

	gaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcc cagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcacc aggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccag ctccatcgagaaaaccatcagcaagggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtgta ccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtg aaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgaga acaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaa gctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgc acgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	Gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgcca gcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgag ctggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacag attcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaa gatcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagt acccctcaccttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcc ccctacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagt gaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcaca agcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgt gcccagcagatttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctg caggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagca gactgcacatcaagaccaagggccccagccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatct tcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaaca acttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcgg caacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgag cagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaa gtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 357**
결합 단백질 39 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgytftsyyihwvrqapgqglewigsiypgnv ntnyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwnfdvwgkgttv tvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavl qssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflg gpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpre eqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytlp pcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflysk ltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 358**
경쇄 A	Diqmtqspsslsasvgdrvtitcqasqniyvwlnwyqqkpgkapkllliykasnlhtgv psrfsgsgsgtdftltisslqpediatyycqqgqtypytfgqgtkleikrtvaapsvfifpps deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 359**
중쇄 B	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikp qygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdssw aldawgqgttvvvsadkthtqvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkaw mhwvrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddskntlylqm nslraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvssdkthtastkgpsvfplapc srstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvt vpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfp pkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeq fnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvc tlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsd gsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 360**
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikdkthtyih	**서열 번호 361**

[1318]

	vtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdllhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvpsrfs gsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikdkthtrtvaapsvfifppsdeql ksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskad yekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	
결합 단백질 39 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggt gtcctgcaaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggc ccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaact acgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgc ctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggt cccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgt ctagcgcgtcgaccaagggccccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcacca gcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttccgagcccgtgaccg tgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttttccagccgtgctccagag cagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacca agacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggt ggaatctaagtacggcccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggaccc tccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaa gtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacg tggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacag cacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaag agtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagc aaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgccccctgccaggaaga gatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacatt gccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	**서열 번호 362**
경쇄 A	gacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagagtga ccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagc ccggcaaggccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcc cagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctgcag cccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctacccctacaccttggc cagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccca cctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttct accccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgcagagcggcaaca gccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgac ccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 363**
중쇄 B	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgggt gtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggcc cctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtgaactt cggcggaggcttccgggatagagtgacccctgaccccgggacgtgtaccgcgagatcgcct acatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgccagagac agaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtgg tggtgtctgccgacaaaacccatacccaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtg gtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaa ggcctggatgcactgggtgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccag atcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggtt caccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgg gccgaggacaccgccgtgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgatt actggggccagggaaccctcgtgaccgtgtctagtgataagacccacaccgcttcgacca agggcccatcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccg	

[1319]

	ccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctgg cgctctgacaagcggcgtgcacacctttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactc tctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgta acgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacgg ccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccc cccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccccgaagtgacctgcgtggtg gtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaa gtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtgg tgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaag gtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggcc agccccgcgagcctcaagtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaac caggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgg gagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcg acggctcattcttcctggtgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggca acgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccc tgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaaga tcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagtac ccctcacctttggcagcggcaccaaggtggaaatcaaggacaaaacccatacctacatc cacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaa ctgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaagcctggca gagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcag attttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctgcaggccgac gacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcacat caaggataagacccatacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagc gacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccc gcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccagg aaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgac actgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccag ggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 365**
결합 단백질 40 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgytftsyyihwvrqapgqglewigsiypgnv ntnyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwnfdvwgkgttv tvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavl qssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflg gpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpre eqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytlp pcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflysk ltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 366**
경쇄 A	Diqmtqspsslsasvgdrvtitcqasqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgv psrfsgsgsgtdftltisslqpediatyycqqgqtypytfgqgtkleikrtvaapsvfifpps deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 367**
중쇄 B	Qvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqi kdksnsyatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedtavyycrgvyyal spfdywgqgtlvtvsssrahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfr qapgrglewvgwikpqygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddt avyycardrsygdsswaldawgqgttvvvsartastkgpsvfplapcsrstsest aalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgt ktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtl	**서열 번호 368**

[1320]

	misrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrv vsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsq eemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvs kltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	
경쇄 B	Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvp srfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikgqpkaapdivmtqtplsl svtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsgvpdrfsgs gsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypfffgsgtkveiktkgpsrtvaapsvfifpps deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 369
결합 단백질 40 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggt gtcctgcaaggccagcggctacaccttttaccagctactacatccactgggtgcgccaggc ccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaact acgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgc ctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggt cccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgt ctagcgcgtcgaccaagggcccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcacca gcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccg tgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagag cagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacca agacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggt ggaatctaagtacggcccctccctgcccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggaccc tccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccccgaa gtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacg tggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacag cacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaag agtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagc aaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgccccctgccaggaaga gatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacatt gccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 370
경쇄 A	gacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagagtga ccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagc ccggcaaggccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcc cagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctgcag cccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctacccctacaccttggc cagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccca cctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttct acccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgcagagcggcaaca gccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgac ccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 371
중쇄 B	caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagact gagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccagg ccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgc cacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaag aacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccgtgtactactgt cggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaaccctcgtgacc gtgtctagtagcagagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgc ctctgtgcgggtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggt	서열 번호 372

[1321]

	tccggcaggcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatgg cgccgtgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtacc gcgagatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactact gcgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccaggg cacaaccgtggtggtgtctgccccggaccgccagcacaaagggcccatcggtgttccctct ggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaagg actactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgca caccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtg cccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagca acaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccag ccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccct gatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatc ccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaag cccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgca ccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgccc agctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgt gtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgcc gtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccga gaacaactacaagaccaccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtcc aagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgat gcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacaga gtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatc agcacaagcctggcagagccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtg gaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacc tgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctg cagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagggccagcccaaggccgc ccccgacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggaca gcctgccagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgcca acacctacctgagctggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgat ctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcgg ctctggcaccgacttcaccctgaagatcagccgggtggaagccgaggacgtggg cgtgtactattgtggccagggcacccagtacccttcaccttttggcagcggcacca aggtggaaatcaagaccaagggccccagccgtacggtggccgctcccagcgtg ttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtg cctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaa cgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaag gactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgag aagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagcccgtg accaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 373**
결합 단백질 41 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgytftsyyihwvrqapgqglewigsiypgnv ntnyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwnfdvwgkgttv tvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavl qssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflg gpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpre eqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytlp pcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflysk ltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 374**
경쇄 A	Diqmtqspsslsasvgdrvtitcqasqniyvwlnwyqqkpgkapkllliykasnlhtgv psrfsgsgsgtdftltisslqpediatyycqqgqtypytfgqgtkleikrtvaapsvfifpps	**서열 번호 375**

[1322]

	deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssttltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	
중쇄 B	qvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqik dksnsyatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedtavyycrgvyyalsp fdywgqgtlvtvssdkthtrahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfw frqapgrglewvgwikpqygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpd dtavyycardrsygdsswaldawgqgttvvvsadkthtastkgpsvfplapcsr stsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvp ssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppk pkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfns tyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlp psqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennyk ttppvldsdgsf flvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	서열 번호 376
경쇄 B	Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvp srfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikdkthtdivmtqtplslsvtp gqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsgvpdrfsgsgsgt dftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikdkthtrtvaapsvfifppsdeql ksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssttltlskad yekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 377
결합 단백질 41 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggt gtcctgcaaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggc ccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaact acgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgc ctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggt cccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgt ctagcgcgtcgaccaagggcccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcacca gcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccg tgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagag cagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacca agacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggt ggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggaccc tccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaa gtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacg tggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacag cacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaag agtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagc aaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccaggaaga gatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacatt gccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 378
경쇄 A	gacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagagtga ccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagc ccggcaaggccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcc cagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctgcag cccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctacccctacaccttggc cagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccca cctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttct accccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgcagagcggcaaca gccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca	서열 번호 379

[1323]

	ccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgac ccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
중쇄 B	caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagact gagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccagg ccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgc cacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaag aacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccgtgtactactgt cggggcgtgtactatgccctgagcccttcgattactggggccagggaaccctcgtgacc gtgtctagtgacaaaacccataccagagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaag aaaccaggcgcctctgtgcgggtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccac atcctgttctggttccggcaggcccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaag ccccagtatggcgccgtgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccg ggacgtgtaccgcgagatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccg ccgtgtactactgcgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgctt ggggccagggcacaaccgtggtggtgtctgccgataagacccacaccgccagcacaaa gggcccatcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgc cctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggc gctctgacaagcggcgtgcacaccttttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactct ctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaa cgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggc cctccctgccctccttgcccagccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttcccc ccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggt ggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtg tccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggt gtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccag ccccgcgagcctcaagtgtgtaccctgcccctagccaggaagagatgaccaagaacca ggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatggga gagcaacggccagccccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgac ggctcattcttcctggtgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaac gtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgt ctctgtccctgggcaag	서열 번호 380
경쇄 B	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgac catcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaagc ctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcc cagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctgcag gccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagac tgcacatcaaggacaaaacccataccgacatcgtgatgacccagacccccctgagcctga gcgtgacacctggacagcctgccagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgca caacaacgccaacacctacctgagctggtatctgcagaagcccggccagagcccccagt ccctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcg gctctggcaccgacttcaccctgaagatcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtg tactattgtggccagggcacccagtacccctcaccttggcagcggcaccaaggtggaa atcaaggataagacccatacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccaccta gcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacc cccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagcc aggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccct gacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccac cagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 381
결합 단백질 42 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvhwvrqppgkglewlgviwagggt nynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtt vtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav	서열 번호 382

[1324]

	lqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapefl ggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpr eeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytl ppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflys kltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	
경쇄 A	Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnve sgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleikrtvaapsv fifppsdeqlksgtasvvclinnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 383
중쇄 B	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwikp qygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdssw aldawgqgttvvvsasqvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhw vrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddsknтlylqmnslra edtavyycrgvyyyalspfdywgqgtlvtvssrtastkgpsvfplapcsrstsesta algclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtk tytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtl misrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvv svltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsqee mtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskl tvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	서열 번호 384
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikgqpkaa pyihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgv psrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhiktkgpsrtvaapsvfifpp sdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstlt lskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 385
결합 단백질 42 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagc cacctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaacta caaccccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtg tccctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagaga caagggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccg tgtcatccgcgtcgaccaagggccccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagca ccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtga ccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctcca gagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggca ccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcg ggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcgga ccctccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccc gaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggt acgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttca acagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggc aaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccat cagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccag gaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagc gacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccc ccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagag ccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaacc actacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 A	gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggccac catcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggta	서열 번호 387

[1325]

	tcagcagaagcccggccagcccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtggaaa gcggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaccatca accccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggtgcc ctacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggcccgctcccagcg tgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcct gctgaacaacttctacccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgc agagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaagcaaggactccacctaca gcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgc ctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcg agtgt	
중쇄 B	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgggt gtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggcc cctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtgaacttc ggcgcgaggcttccgggatagagtgaccctgaccccgggacgtgtaccgcgagatcgcc tacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgccagaga cagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtg gtggtgtctgcctctcaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggc agaagcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgca ctgggtgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaag agcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccg ggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacacc gccgtgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagg gaaccctcgtgaccgtgtctagtcggaccgcttcgaccaagggcccatcggtgttccctct ggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaagg actactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgca caccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtg cccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagca acaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccag cccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccct gatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatc ccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaag cccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgca ccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgccc agctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgt gtaccctgcccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgcc gtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccg agaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtc caagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtga tgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 388
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaag atcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagta ccccttcacctttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcc ccctacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagt gaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcaca agcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgt gcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctg caggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagca gactgcacatcaagaccaagggccccagccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatct tcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaaca acttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcgg caacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgag	서열 번호 389

[1326]

	cagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaa gtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 43 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvhwvrqppgkglewlgviwagggt nynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtt vtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav lqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapefl ggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkp reeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvyt lppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsffly skltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 390**
경쇄 A	Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnve sgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleikrtvaapsv fifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 391**
중쇄 B	Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrqapgrglewvgwik pqygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddtavyycardrsygdss waldawgqgttvvvsadkthtqvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgfftfka wmhwvrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddskntlylq mnslraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvssdkthtastkgpsvfpla pcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssv vtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvfl fppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpre eqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepq vctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvld sdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 392**
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasiscksqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikdkthtyi hvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvpsrf sgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikdkthtrtvaapsvfifppsdeq lksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlska dyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 393**
결합 단백질 43 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagc cacctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaacta caaccccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtg tccctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagaga caagggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccg tgtcatccgcgtcgaccaagggcccctcggtgttcccctctggccccttgcagcagaagca ccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtga ccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctcca gagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggca ccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcg ggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagccctgaatttctgggcgga ccctccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccc gaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggt acgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttca acagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggc aaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccat cagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccag gaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagc	**서열 번호 394**

[1327]

	gacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 A	gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggccaccatcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtatcagcagaagcccggccagccccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtggaaagcggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaccatcaaccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggtgccctacaccttggccagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 395
중쇄 B	agagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcgggtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggccccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatggcgccgtgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtaccgcgagatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtggtggtgtctgccgacaaaacccatacccaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcggccgaggacaccgccgtgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactgggccagggaaccctcgtgaccgtgtctagtgataagacccacaccgcttcgaccaagggcccatcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagccccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccgcgagcctcaagtgtgtaccctgcccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 396
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagctggtatctgcagaagcccggccagagccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagatttcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaagatcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagtaccccttcaccttggcagcggcaccaaggtggaaatcaaggacaaaacccatacctacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaagcctggc	서열 번호 397

[1328]

	agagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagca gattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctgcaggccga cgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagactgcac atcaaggataagacccatacccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccaccta gcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacc cccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagcc aggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccct gacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccac cagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 44의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvhwvrqppgkglewlgviwagggt nynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtt vtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav lqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapefl ggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpr eeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytl ppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflys kltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 398**
경쇄 A	Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnve sgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleikrtvaapsv fifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 399**
중쇄 B	Qvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqi kdksnsyatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedtavyycrgvyyals pfdywgqgtlvtvsssrahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwfrq apgrglewvgwikpqygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkpddta vyycardrsygdsswaldawgqgttvvvsartastkgpsvfplapcsrstsesta algclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtk tytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtl misrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvv svltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsqee mtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskl tvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 400**
경쇄 B	Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvp srfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikgqpkaapdivmtqtplsls vtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsgvpdrfsgsg sgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveiktkgpsrtvaapsvfifppsd eqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltls kadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 401**
결합 단백질 44의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagc cacctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaacta caaccccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtg tccctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagaga caagggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccg tgtcatccgcgtcgaccaagggccccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagca ccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtga ccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctcca gagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggca ccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcg ggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcgga	**서열 번호 402**

[1329]

	ccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccc gaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggt acgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttca acagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggc aaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccat cagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccag gaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagc gacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccc cccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagag ccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaacc actacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 A	gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggccac catcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggta tcagcagaagcccggccagccccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtggaaa gcggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaccatca accccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggtgcc ctacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcg tgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcct gctgaacaacttctacccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgc agagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctaca gcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgc ctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcg agtgt	서열 번호 403
중쇄 B	caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagac tgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccag gcccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacg ccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaa gaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccgtgtactact gtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaaccctcgtga ccgtgtctagtagcagagcccacctggtgcagtctggcaccgccatgaagaaaccaggc gcctctgtgcgggtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgcccacatcctgttctg gttccggcaggccccctggcagaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagtatg gcgccgtgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgaccctgacccgggacgtgtac cgcgagatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtacta ctgcgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgcttggggccag ggcacaaccgtggtggtgtctgcccggaccgccagcacaaagggcccatcggtgttccc tctggcccctttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaa ggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgt gcacaccttttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgac agtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagccc agcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggcccctccctgccctccttgc ccagcccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggaca ccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaa gatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagac caagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgc tgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcct gcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaa gtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgt gccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagc ccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgg tgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctcc gtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggc aag	서열 번호 404

[1330]

경쇄 B	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacaga gtgaccatcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatc agcacaagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtg gaagatggcgtgcccagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacc tgaccatcagcgatctgcaggccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctg cagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagggccagcccaaggccgc ccccgacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggaca gcctgccagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgcca acacctacctgagctggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgat ctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcgg ctctggcaccgacttcaccctgaagatcagccgggtggaagccgaggacgtggg cgtgtactattgtggccagggcacccagtacccctttcacctttggcagcggcacca aggtggaaatcaagaccaagggccccagccgtacggtggccgctcccagcgtg ttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtg cctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaa cgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaa ggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacga gaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgt gaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 405**
결합 단백질 45 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvhwvrqppgkglewlgviwagggt nynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtt vtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav lqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapefl ggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkp reeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvyt lppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsffly skltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 406**
경쇄 A	Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnve sgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleikrtvaapsv fifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 407**
중쇄 B	qvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqik dksnsyatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedtavyycrgvyyals pfdywgqgtlvtvssdkthtrahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilf wfrqapgrglewvgwikpqygavnfgggfrdrvtltrdvyreiaymdirglkp ddtavyycardrsygdsswaldawgqgttvvvsadkthtastkgpsvfplapc srstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvt vpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflf ppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpree qfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepq vctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennyk ttppvld sdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 408**
경쇄 B	Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvp srfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikdkthtdivmtqtplslsvtp gqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsgvpdrfsgsgsgt dftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikdkthtrtvaapsvfifppsdeql ksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstysl sstltlskad yekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 409**
결합 단백질 45 의 뉴클레오티드 서열		

[1331]

중쇄 A	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagc cacctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaacta caaccccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtg tccctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagaga caagggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccg tgtcatccgcgtcgaccaagggccccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagca ccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtga ccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctcca gagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggca ccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcg ggtggaatctaagtacggcccctccctgccctccttgcccagccgctgaatttctgggcgga ccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccc gaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggt acgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttca acagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggc aaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccat cagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgccccctgccag gaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagc gacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccc ccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagag ccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaacc actacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 410
경쇄 A	gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggccac catcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggta tcagcagaagcccggccagccccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtggaaa gcggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaccatca accccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggtgcc ctacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcg tgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcct gctgaacaacttctaccccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgc agagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctaca gcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgc ctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcg agtgt	서열 번호 411
중쇄 B	caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagac tgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccag gcccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacg ccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaa gaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccgtgtactact gtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactgggccagggaaccctcgtga ccgtgtctagtgacaaaacccataccagagcccacctggtgcagtctggcaccgccatga agaaaccaggcgcctctgtgcgggtgtcctgtcagacaagcggctacaccttcaccgccc acatcctgttctggttccggcaggccccctggcagaggactggaatgggtgggatggatca agccccagtatggcgccgtgaacttcggcggaggcttccgggatagagtgacccctgacc cgggacgtgtaccgcgagatcgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgaca ccgccgtgtactactgcgccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggat gcttggggccagggcacaaccgtggtggtgtctgccgataagacccacaccgccagca caaagggcccatcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacag ccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactc tggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgta ctctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacct gtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagta cggccctccctgccctccttgcccagccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgt	서열 번호 412

[1332]

	tccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccgaagtgacctgcgtg gtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtg gaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgg gtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtg caaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag ggccagccccgcgagcctcaagtgtgtaccctgcccctagccaggaagagatgacca agaaccaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtgg aatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgtgctgga cagcgacggctcattcttcctggtgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcagg aaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccag aagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgac catcaactgccagacctctcagggcgtgggcagcgacctgcactggtatcagcacaagc ctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcc cagcagattttccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgaccatcagcgatctgcag gccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttcttcggcagaggcagcagac tgcacatcaaggacaaaacccataccgacatcgtgatgacccagacccccctgagcctg agcgtgacacctggacagcctgccagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgc acaacaacgccaacacctacctgagctggtatctgcagaagcccggccagagcccccca gtccctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcccgacagattctccggcag cggctctggcaccgacttcaccctgaagatcagccgggtggaagccgaggacgtgggc gtgtactattgtggccagggcacccagtacccccttcacctttggcagcggcaccaaggtg gaaatcaaggataagacccataccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccac ctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttcta ccccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacag ccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcac cctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacc caccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 413
결합 단백질 46 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgytftsyyihwvrqapgqglewigsiypgnv ntnyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwnfdvwgkgttv tvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavl qssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflg gpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpre eqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytlp pcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflysk ltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	서열 번호 414
경쇄 A	Diqmtqspsslsasvgdrvtitcqasqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgv psrfsgsgsgtdftltisslqpediatyycqqgqtypytfgqgtkleikrtvaapsvfifpps deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 415
중쇄 B	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwi shegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgsklnrlrd yalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvsssqvqlvesgggvvqpgr slrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkg rftisrddsknt lylqmnslraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvssrta stkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavl qssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpa peflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgve vhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqksls	서열 번호 416

[1333]

	lslgk	
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikgqpkaa pdfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassra sgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdiktkgpsrt vaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqd skdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 417
결합 단백질 46의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggt gtcctgcaaggccagcggctacaccttttaccagctactacatccactgggtgcgccaggc ccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaact acgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgc ctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggt cccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtg tctagcgcgtcgaccaagggccccctcggtgttcctctggccccttgcagcagaagcacc agcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgacc gtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccaga gcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacc aagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggt ggaatctaagtacggccctcccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggacc ctccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccga agtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtac gtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaac agcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaa agagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatca gcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccagga agagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcga cattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccaccccc cctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagcc ggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccac tacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 418
경쇄 A	gacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagagtga ccatcacctgtcaggccagcgagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagc ccggcaaggcccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcc cagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctgcag cccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctacccctacaccttggc cagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccca cctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttct accccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgcagagcggcaaca gccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgac ccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 419

[1334]

중쇄 B	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaagg tgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaagaaa gtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcaccaacac cgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactgcgccaa gggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcgccctgaac tgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgt gaccgtgtcatcttctcaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctgg cagaagcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgc actgggtgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaa gagcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagcc gggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggaca ccgccgtgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggcca gggaaccctcgtgaccgtgtctagtcggaccgcttcgaccaagggcccatcggtgttccc tctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaa ggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgt gcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgac agtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagccc agcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggcccctccctgccctccttgc ccagcccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggaca ccctgatgatcagccggaccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaa gatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagac caagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgc tgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcct gcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaa gtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgt gccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagc ccgagaacaactacaagaccaccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctgg tgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctcc gtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggc aag	서열 번호 420
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaag atcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagta ccccttcacctttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcc cccgacttcgtgctgacccagagcccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgc cagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctgg cttggtacgtgcagaagcccggcagatcccccagctgctgatctacctggccagcagca gagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctg aagatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagag agagccccctggaccttggcccagggcaccaaggtggacatcaagaccaagggccccag ccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtc cggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgca gtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagca ggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgac tacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgt gaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 421
결합 단백질 47 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgytftsyyihwvrqapgqglewigsiypgnv ntnyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwnfdvwgkgttv tvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavl	서열 번호 422

[1335]

	qssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflg gpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpre eqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytlp pcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflysk ltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	
경쇄 A	Diqmtqspsslsasvgdrvtitcqasqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgv psrfsgsgsgtdftltisslqpediatyycqqgqtypytfgqgtkleikrtvaapsvfifpps deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 423
중쇄 B	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwi shegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrd yalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtqvqlvesgggvv qpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyad svkgrftisrddsknтlylqmnslraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtv ssdkthtastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsg vhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygp pcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfn wyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkgl pssiektiskakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavew esngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhn hytqkslslslgk	서열 번호 424
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikdkthtdf vltqsphslsvtpgesasiscksshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasgv pdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtrtvaa psvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskd styslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 425
결합 단백질 47 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggt gtcctgcaaggccagcggctacaccttaccagctactacatccactgggtgcgccaggc ccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaact acgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgc ctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggt cccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgt ctagcgcgtcgaccaagggcccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcacca gcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccg tgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttttccagccgtgctccagag cagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacca agacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggt ggaatctaagtacggccctccctgcccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggaccc tccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaa gtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacg tggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacag cacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaag agtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagc aaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccaggaaga gatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacatt gccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 426

[1336]

경쇄 A	gacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagagtga ccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagc ccggcaaggccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcc cagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctgcag cccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctacccctacaccttggc cagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccca cctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttct acccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgcagagcggcaaca gccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgac ccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 427
중쇄 B	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaagg tgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaagaaa gtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcaccaacac cgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactgcgccaa gggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcgccctgaac tgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgt gaccgtgtcatctgacaaaacccatacccaggtgcagctggtggaatctggcggcggagt ggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcacca aggcctggatgcactgggtgcgccaggcccctggaaagcagctggaatgggtggccca gatcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccgg ttcaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcg ggccgaggacaccgccgtgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcga ttactggggccagggaaccctcgtgaccgtgtctagtgataagacccacaccgcttcgac caagggcccatcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagc cgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactct ggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgta ctctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacct gtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagta cggccctccctgccctccttgcccagccccgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgtt ccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccccgaagtgacctgcgtg gtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtg gaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccggg tggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgca aggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggg ccagccccgcgagcctcaagtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaaga accaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatg ggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagc gacggctcattcttcctggtgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaagg caacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtc cctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 428
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaaga tcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagtac cccttcacctttggcagcggcaccaaggtggaaatcaaggacaaaacccataccgacttc gtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccagcatca gctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtac gtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagcca gcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaagatca gccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagccc	서열 번호 429

[1337]

	ctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggataagacccataccgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 48 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgytftsyyihwvrqapgqglewigsiypgnvntnyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwnfdvwgkgttvtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytlppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvldsdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 430**
경쇄 A	Diqmtqspsslsasvgdrvtitcqasqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsgsgsgtdftltisslqpediatyycqqgqtypytfgqgtkleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 431**
중쇄 B	Qvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvsssqvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssrtastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 432**
경쇄 B	Dfvltqsphslsvtpgesasiscksshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikgqpkaapdivmtqtplslsvtpgqpasiscksqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveiktkgpsrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 433**
결합 단백질 48 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggtgtcctgcaaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaactacgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgcctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggtcccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgtctagcgcgtcgaccaagggcccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagccccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaa	**서열 번호 434**

[1338]

	gtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacg tggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacag cacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaag agtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagc aaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtatacctgccccccttgccaggaaga gatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacatt gccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 A	gacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagagtga ccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagc ccggcaaggccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcc cagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctgcag cccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctaccctacacctttggc cagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccca cctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttct accccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgcagagcggcaaca gccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgac ccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 435
중쇄 B	caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagact gagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccagg ccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgc cacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaag aacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccgtgtactactgt cggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaaccctcgtgacc gtgtctagtagccaggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggca cctctgtgaaggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcact gggtgcgcagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagg gcgacaagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacaga agcaccaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgta ctactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgcccctgtacgacgatgac ggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggcca gggcacagccgtgaccgtgtcatctcggaccgccagcacaaagggcccatcggtgttcc ctctggcccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtga aggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgt gcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgac agtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagccc agcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggcccctccctgccctccttgc ccagcccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggaca ccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaa gatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagac caagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgc tgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctg cccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaag tgtgtaccctgcccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtg ccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagccc gagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgt ccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtg atgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 436
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccag catcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttg gtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagag	서열 번호 437

[1339]

	ccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaag atcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagaga gcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaagggccagcccaaggccgc ccccgacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctg ccagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctg agctggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaac agattcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctg aagatcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcaccc agtacccttcaccttttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagaccaagggccccagc cgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtcc ggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcag tggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcag gacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgact acgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtg accaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 49 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgytftsyyihwvrqapgqglewigsiypgnv ntnyaqkfqgratltvdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwnfdvwgkgttv tvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavl qssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapeflg gpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpre eqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytlp pcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflysk ltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호 438**
경쇄 A	Diqmtqspsslsasvgdrvtitcqasqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgv psrfsgsgsgtdftltisslqpediatyycqqgqtypytfgqgtkleikrtvaapsvfifpps deqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltl skadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 439**
중쇄 B	Qvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqi kdksnsyatyyadsvkgrftisrddsknt lylqmnslraedtavyycrgvyyals pfdywgqgtlvtvssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydl hwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgl tsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtv ssdkthtastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsg vhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygp pcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfn wyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkgl pssiektiskakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavew esngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhn hytqkslslslgk	**서열 번호 440**
경쇄 B	Dfvltqsphslsvtpgesasiscksshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassras gvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtdiv mtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsg vpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikdkthtrtvaap svfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdst yslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 441**
결합 단백질 49 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctggtgcagtctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggt gtcctgcaaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggc ccctggacagggactggaatggatcggcagcatctaccccggcaacgtgaacaccaact acgcccagaagttccagggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgc ctacatggaactgagccggctgagaagcgacgacaccgccgtgtactactgcacccggt	**서열 번호 442**

[1340]

	cccactacggcctggattggaacttcgacgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgt ctagcgcgtcgaccaagggcccctcggtgttccctctggcccctttgcagcagaagcacca gcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccg tgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacacctttccagccgtgctccagag cagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacca agacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggt ggaatctaagtacggcccctcctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggaccc tccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaa gtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacg tggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacag cacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaag agtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagc aaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccaggaaga gatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacatt gccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 A	gacatccagatgacccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagagtga ccatcacctgtcaggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagc ccggcaaggccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcc cagcagattttctggcagcggctccggcaccgacttcaccctgacaatcagctccctgcag cccgaggacattgccacctactactgccagcagggccagacctacccctacacctttggc cagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttccca cctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttct acccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgcagagcggcaaca gccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagca ccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgac ccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 443**
중쇄 B	caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagact gagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccagg ccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgc cacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaag aacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccgtgtactactgt cggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaaccctcgtgacc gtgtctagtgacaaaacccatacccaggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcg gaagcctggcacctctgtgaaggtgtcctgcaaggccccctggcaacaccctgaaaaccta cgacctgcactgggtgcgcagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatc agccacgagggcgacaagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcg actgggacagaagcaccaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgat accgccgtgtactactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgta cgacgatgacggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaatt ctggggccagggcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgccagcacaa agggcccatcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccg ccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctgg cgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactc tctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgta acgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacgg ccctcccctgccctccttgcccagccccgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccc cccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtg gtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaa gtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtgg tgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaag gtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggcc	**서열 번호 444**

[1341]

	agccccgcgagcctcaagtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaac caggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgg gagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcg acggctcattcttcctggtgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggca acgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccc tgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccag catcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttg gtacgtgcagaagcccggcagatcccccccagctgctgatctacctggccagcagcagag ccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaag atcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagaga gcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaaacccataccgac atcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcat cagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagctggt atctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagattca gcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaagatca gccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagtaccc cttcacctttggcagcggcaccaaggtggaaatcaaggataagacccatacccgtacggt ggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagc ctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtg gacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaa ggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaag cacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagag cttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 445
결합 단백질 50 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvhwvrqppgkglewlgviwagggt nynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtt vtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav lqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapefl ggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpr eeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytl ppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflys kltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	서열 번호 446
경쇄 A	Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnve sgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleikrtvaapsv fifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 447
중쇄 B	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwi shegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrd yalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvsssqvqlvesgggvvqpgr slrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkg rftisrddsknt lylqmnslraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvssrta stkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpavl qssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpa pefl ggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgve vhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqksls lslgk	서열 번호 448
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikgqpkaa pdfvltqsphslsvtpgesasisckssh slihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassra	서열 번호 449

[1342]

	sgvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdiktkgpsrt vaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqd skdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	
결합 단백질 50 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagcc acctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaactaca accccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtc cctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagagaca agggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccgtg tcatccgcgtcgaccaagggccccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcacc agcgaatctacagccgcccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgacc gtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccaga gcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacc aagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcggg tggaatctaagtacggccctccctgcccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggacc ctccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccga agtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtac gtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaaca gcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaa gagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcag caaggccaagggccagcccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccaggaag agatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacat tgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	**서열 번호 450**
경쇄 A	gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggccac catcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtat cagcagaagcccggccagccccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtggaaag cggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaccatcaa ccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggtgccc tacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgt gttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctg ctgaacaacttctaccccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgca gagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacag cctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcct gcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	**서열 번호 451**
중쇄 B	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaagg tgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaagaaa gtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcaccaacac cgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactgcgccaa gggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcgccctgaac tgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgt gaccgtgtcatcttctcaggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctgg cagaagcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgca ctgggtgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaag agcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccg ggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacacc gccgtgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagg gaaccctcgtgaccgtgtctagtcggaccgcttcgaccaagggcccatcggtgttccctct	**서열 번호 452**

[1343]

	ggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaagg actactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgca caccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtg cccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagca acaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccag ccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttcccccccaaagcccaaggacaccct gatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatc ccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaag cccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgca ccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgccc agctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgt gtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgcc gtgaaaggcttctacccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccga gaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgtcc aagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgat gcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaaga tcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagtac ccccttcaccttttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagggccagcccaaggccgcccc cgacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcca gcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggctt ggtacgtgcagaagcccggcagatcccccccagctgctgatctacctggccagcagcaga gccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaa gatcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagag agcccctggaccttttggccagggcaccaaggtggacatcaagaccaagggccccagcc gtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccg gcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagt ggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcag gacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgact acgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtg accaagagcttcaaccggggcgagtgt	서열 번호 453
결합 단백질 51 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvhwvrqppgkglewlgviwagggt nynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtt vtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav lqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapefl ggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpr eeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytl ppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflys kltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	서열 번호 454
경쇄 A	Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnve sgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleikrtvaapsv fifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 455
중쇄 B	Qvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwvrsvpgqglqwmgwi shegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrd yalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssdkthtqvqlvesgggvv qpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyad svkgrftisrddsknt lylqmnslraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtv	서열 번호 456

[1344]

	ssdkthtastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsg vhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygp pcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfn wyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkgl pssiektiskakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavew esngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhn hytqkslslslgk	
경쇄 B	Divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnr fsgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikdkthtdf vltqsphslsvtpgesasisckssqslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassrasgv pdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtrtvaa psvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskd styslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호 457**
결합 단백질 51 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagcc acctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaactaca accccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtc ctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagagaca agggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccgtg tcatccgcgtcgaccaagggccccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcacc agcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagccccgtgacc gtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccaga gcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacc aagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggg tggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggacc ctccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccga agtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtac gtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaaca gcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaa gagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcag caaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccaggaag agatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacat tgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	**서열 번호 458**
경쇄 A	gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggccac catcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtat cagcagaagcccggccagccccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtggaaag cggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaccatcaa ccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggtgccc tacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgt gttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctg ctgaacaacttctaccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgca gagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacag cctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcct gcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	**서열 번호 459**
중쇄 B	caggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaagg tgtcctgcaaggccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgcagc	**서열 번호 460**

[1345]

	gtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagggcgacaagaaa gtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacagaagcaccaacac cgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgtactactgcgccaa gggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcgccctgaac tgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgt gaccgtgtcatctgacaaaacccatacccaggtgcagctggtggaatctggcggcggagt ggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccgccagcggcttcaccttcacca aggcctggatgcactgggtgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggccca gatcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccgg ttcaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcg ggccgaggacaccgccgtgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccttcga ttactggggccagggaaccctcgtgaccgtgtctagtgataagacccacaccgcttcgac caagggcccatcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagc cgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactct ggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgta ctctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacct gtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagta cggccctccctgccctccttgcccagccccgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgtt ccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccccgaagtgacctgcgtg gtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtg gaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccggg tggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgca aggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggg ccagccccgcgagcctcaagtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaaga accaggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatg ggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagc gacggctcattcttcctggtgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaagg caacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtc cctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 B	gacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccag catcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagct ggtatctgcagaagcccggccagagccccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagat tcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaaga tcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagtac cccttcaccttttggcagcggcaccaaggtggaaatcaaggacaaaacccatacccgacttc gtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccagcatca gctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtac gtgcagaagcccggcagatcccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagcca gcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaagatca gccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagccc ctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggataagacccatacccgtacggt ggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagc ctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtg gacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaa ggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaag cacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagag cttcaaccggggcgagtgt	**서열 번호 461**
결합 단백질 52 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvhwvrqppgkglewlgviwagggt nynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtt vtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav lqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapefl ggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpr	**서열 번호 462**

[1346]

	eeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytl ppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflys kltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	
경쇄 A	Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnve sgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleikrtvaapsv fifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 463
중쇄 B	Qvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqi kdksnsyatyyadsvkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyycrgvyyals pfdywgqgtlvtvsssqvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydllhwv rsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgd tavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtvssrt astkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav lqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcp apeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgv evhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiekti skakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqksls lslgk	서열 번호 464
경쇄 B	Dfvltqsphslsvtpgesasisckssshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassras gvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikgqpkaap divmtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrf sgvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveiktkgpsrtv aapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqds kdstyslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	서열 번호 465
결합 단백질 52 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagcc acctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaactaca accccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtc cctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagagaca agggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccgtg tcatccgcgtcgaccaagggcccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcacc agcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgacc gtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttttccagccgtgctccaga gcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacc aagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggg tggaatctaagtacggccctccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggacc ctccgtgttcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccga agtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtac gtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaaca gcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaa gagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcag caaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgcccccttgccaggaag agatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacat tgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 466
경쇄 A	gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggccac catcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtat cagcagaagcccggccagccccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtggaaag	서열 번호 467

[1347]

	cggcgtgccagccagattttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaccatcaa ccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggtgccc tacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgt gttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctg ctgaacaacttctacccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgca gagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacag cctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcct gcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	
중쇄 B	caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagact gagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccagg cccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgc cacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaag aacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccgtgtactactgt cggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaaccctcgtgacc gtgtctagtagccaggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggca cctctgtgaaggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgcact gggtgcgcagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatcagccacgagg gcgacaagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcgactgggacaga agcaccaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataccgccgtgta ctactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgtacgacgatgac ggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggcca gggcacagccgtgaccgtgtcatctcggaccgccagcacaaagggcccatcggtgttcc ctctggcccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtga aggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgt gcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgac agtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagccc agcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctccttgc ccagcccctgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggaca ccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaa gatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagac caagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgc tgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctg cccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgcgagcctcaag tgtgtaccctgcccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtg ccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagccc gagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcgacggctcattcttcctggtgt ccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtg atgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	**서열 번호 468**
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccag catcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttg gtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagag ccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaag atcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagaga gcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaagggccagcccaaggccgc ccccgacatcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctg ccagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctg agctggtatctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaac agattcagcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctg aagatcagccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcaccc agtacccttcaccttggcagcggcaccaaggtggaaatcaagaccaagggccccagc cgtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtcc ggcacagcctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcag tggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcag	**서열 번호 469**

[1348]

	gacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgact acgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtg accaagagcttcaaccggggcgagtgt	
결합 단백질 53 의 아미노산 서열		
중쇄 A	Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgfslsdygvhwvrqppgkglewlgviwagggt nynpslksrktiskdtsknqvslklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtt vtvssastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsgvhtfpav lqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcppcpapefl ggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpr eeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprepqvytl ppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflys kltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk	**서열 번호** **470**
경쇄 A	Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppkllifaasnve sgvparfsgsgsgtdftltinpveandvanyycqqsrkvpytfgqgtkleikrtvaapsv fifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstys lsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호** **471**
중쇄 B	Qvqlvesgggvvqpgrslrlscaasgftftkawmhwvrqapgkqlewvaqi kdksnsyatyyadsvkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyycrgvyyals pfdywgqgtlvtvssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsvkvsckapgntlktydl hwvrsvpgqglqwmgwishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgl tsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylsnlefwgqgtavtv ssdkthtastkgpsvfplapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsgaltsg vhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygp pcppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdvsqedpevqfn wyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkgl pssiektiskakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavew esngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealhn hytqkslslslgk	**서열 번호** **472**
경쇄 B	Dfvltqsphslsvtpgesasiscksshslihgdrnnylawyvqkpgrspqlliylassras gvpdrfsgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwtfgqgtkvdikdkthtdiv mtqtplslsvtpgqpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsg vpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqypftfgsgtkveikdkthtrtvaap svfifppsdeqlksgtasvvcllnnfypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdst yslsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec	**서열 번호** **473**
결합 단백질 53 의 뉴클레오티드 서열		
중쇄 A	caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcct gacctgtaccgtgtccggcttcagcctgagcgactacggcgtgcactgggtgcgccagcc acctggaaaaggcctggaatggctgggcgtgatctgggctggcggaggcaccaactaca accccagcctgaagtccagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtc cctgaagctgagcagcgtgacagccgccgataccgccgtgtactactgcgccagagaca agggctacagctactactacagcatggactactggggccagggcaccaccgtgaccgtg tcatccgcgtcgaccaagggccccctcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcacc agcgaatctacagccgccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgacc gtgtcctggaactctggcgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccaga gcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcacc aagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcggg tggaatctaagtacggccctcccctgccctccttgcccagcccctgaatttctgggcggacc ctccgtgttcctgttccccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccga agtgacctgcgtggtggtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtac gtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaaca gcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaa gagtacaagtgcaaggtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcag	**서열 번호** **474**

[1349]

	caaggccaagggccagccccgcgagcctcaagtgtataccctgccccctttgccaggaag agatgaccaagaaccaggtgtccctgtggtgtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacat tgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccct gtgctggacagcgacggctcattcttcctgtactccaagctgaccgtggacaagagccggt ggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactac acccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag	
경쇄 A	gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggccgtgtctcctggacagagggccac catcacctgtagagccagcgagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtat cagcagaagcccggccagccccccaagctgctgattttcgccgccagcaacgtggaaag cggcgtgccagccagatttttccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaccatcaa ccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgccagcagagccggaaggtgccc tacacctttggccagggcaccaagctggaaatcaagcgtacggtggccgctcccagcgt gttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgcctg ctgaacaacttctaccccgcgaggccaaggtgcagtggaaggtggacaatgccctgca gagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacag cctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcct gcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt	서열 번호 475
중쇄 B	caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagact gagctgtgccgccagcggcttcaccttcaccaaggcctggatgcactgggtgcgccagg ccccctggaaagcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgc cacctactacgccgacagcgtgaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaag aacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcgggccgaggacaccgccgtgtactactgt cggggcgtgtactatgccctgagccccttcgattactggggccagggaaccctcgtgacc gtgtctagtgacaaaacccatacccaggtgcacctgacacagagcggacccgaagtgcg gaagcctggcacctctgtgaaggtgtcctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaaccta cgacctgcactgggtgcgcagcgtgccaggacagggactgcagtggatgggctggatc agccacgagggcgacaagaaagtgatcgtggaacggttcaaggccaaagtgaccatcg actgggacagaagcaccaacaccgcctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgat accgccgtgtactactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgta cgacgatgacggcgccctgaactgggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaatt ctggggccagggcacagccgtgaccgtgtcatctgataagacccacaccgccagcacaa agggcccatcggtgttccctctggccccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccg ccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctgg cgctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactc tctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgta acgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacgg ccctccctgcccctccttgcccagccccgaatttctgggcggaccctccgtgttcctgttccc cccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtggtg gtggatgtgtcccaggaagatcccgaggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaa gtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtgg tgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaag gtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggcc agccccgcgagcctcaagtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaac caggtgtccctgagctgtgccgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgg gagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccccctgtgctggacagcg acggctcattcttcctggtgtccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggca acgtgttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccc tgtctctgtccctgggcaag	서열 번호 476
경쇄 B	gacttcgtgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgccag catcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttg gtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagag ccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaaggacttcaccctgaag atcagccgggtggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagaga	서열 번호 477

[1350]

	gcccctggacctttggccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaaacccataccgac atcgtgatgacccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcat cagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagctggt atctgcagaagcccggccagagcccccagtccctgatctacaaggtgtccaacagattca gcggcgtgcccgacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcaccctgaagatca gccgggtggaagccgaggacgtgggcgtgtactattgtggccagggcacccagtaccc cttcacctttggcagcggcaccaaggtggaaatcaaggataagacccatacccgtacggt ggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcacagc ctctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtg gacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaa ggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaag cacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagag cttcaaccggggcgagtgt	

[1351]

[1352] [표 A]

결합 단백질의 CDR 서열

Ab	CDRH1	CDRH2	CDRH3	CDRL1	CDRL2	CDRL3
항-CD28	GYTFTSYY (서열 번호 479)	IYPGNVNT (서열 번호 480)	trshygldwnfdv (서열 번호 481)	QNIYVW (서열 번호 489)	KAS (서열 번호 492)	qqgqtypyt (서열 번호 496)
항-CD28	GFSLSDYG (서열 번호 482)	IWAGGGT (서열 번호 483)	ardkgryayyysmd (서열 번호 484)	ESVEYYTSL (서열 번호 491)	AAS (서열 번호 492)	qqsrkvpyt (서열 번호 493)
항-CD3	GFTFTKAW (서열 번호 485)	IKDKSNS (서열 번호 486)	rgvyyalspfdy (서열 번호 487)	QSLVHNNANTY (서열 번호 494)	KVS (서열 번호 495)	gqgtqypp (서열 번호 496)

[1353]

[1354] [표 B]

모 항체의 CDR 서열

Ab	CDR H1	CDR H2	CDR H3	CDR L1	CDR L2	CDR L3
CD4BS "a"	DCTLN (서열 번호 248)	LKPRGGAVNYARP LQ (서열 번호 497)	GKNCDYNWDFEH (서열 번호 250)	RTSQYGSLA (서열 번호 266)	SGSTRAA (서열 번호 267)	QQYEF (서열 번호 268)
CD4BS "b"	GYTFTAHI (서열 번호 251)	IKPQYGAV (서열 번호 252)	DRSYGDSSWALDA (서열 번호 253)	QGVGSD (서열 번호 269)	HTS (서열 번호 270)	QVLQF (서열 번호 271)
MPER	GFDFDNAW (서열 번호 254)	ITGPGEGWSV (서열 번호 255)	TGKYYDFWSGYPPGEEYFQ D (서열 번호 256)	SLRSHY (서열 번호 500)	GKN (서열 번호 501)	SSRDKSGSRLSV (서열 번호 274)
MPER_100W	GFDFDNAW (서열 번호 254)	ITGPGEGWSV (서열 번호 255)	TGKYYDFWWGYPPGEEYF QD (서열 번호 498)	SLRSHY (서열 번호 500)	GKN (서열 번호 501)	SSRDKSGSRLSV (서열 번호 274)
V1/V2 유도된 "a"	GNTLKTYD (서열 번호 257)	ISHEGDKK (서열 번호 258)	CAKGSKHRLRDYALYDDD GALNWAVDVDYLSNLEFW (서열 번호 259)	HSLIHGDRNNY (서열 번호 275)	LAS (서열 번호 276)	CMQGRESPWTF (서열 번호 277)
V1/V2 유도된 "b"	QFRFDGYG (서열 번호 263)	ISHDGIKK (서열 번호 264)	CAKDLREDECEEWWSDYY DFGKQLPCAKSRGGLVGIA DNW (서열 번호 265)	TSNIGNNF (서열 번호 281)	ETD (서열 번호 282)	ATWAASLSSAR V (서열 번호 283)
V3 유도	GASISDSY (서열 번호 499)	VHKSGDT (서열 번호 261)	ARTLHGRRIYGIVAFNEWF TYFYMDV (서열 번호 262)	SLGSRA (서열 번호 278)	NNQ (서열 번호 279)	HIWDSRVPTKW V (서열 번호 280)
CD28	GYTFTSYY (서열 번호 479)	IYPGNVNT (서열 번호 480)	TRSHYGLDWNFDV (서열 번호 481)	QNIYVW (서열 번호 488)	KAS (서열 번호 489)	QQGQTYPYT (서열 번호 490)
CD28_2	GFSLSDYG (서열 번호 482)	IWAGGGT (서열 번호 483)	ARDKGYSYYYSMD (서열 번호 484)	ESVEYYVTSL (서열 번호 491)	AAS (서열 번호 492)	QQSRKVPYT (서열 번호 493)
CD3	GFTFTKAW (서열 번호 485)	IKDKSNS (서열 번호 486)	RGVYYALSPFDY (서열 번호 487)	QSLVHNNANTY (서열 번호 494)	KVS (서열 번호 495)	GQGTQYP (서열 번호 496)

[1355]

[1356] [표 C]

모 항체의 가변 도메인 서열

Ab 명칭	V_H	V_L
CD4BS "a"	QVQLVQSGGQMKKPGESMRISCRASGYEFIDCTLNWIRLAP GKRPEWMGWLKPRGGAVNYARPLQGRVTMTRDVYSDTAF LELRSLTVDDTAVYFCTRGKNCDYNWDFEHWGRGTPVIVS S (서열 번호 502)	EIVLTQSPGTLSLSPGETAIISCRTSQYGSLAWYQQ RPGQAPRLVIYSGSTRAAGIPDRFSGSRWGPDYNL TISNLESGDFGVYYCQQYEFFGQGTKVQVDIK (서열 번호 512)
CD4BS "b"	RAHLVQSGTAMKKPGASVRVSCQTSGYTFTAHILFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGAVNFGGFRDRVTLTRDVYREIAY MDIRGLKPDDTAVYYCARDRSYGDSSWALDAWGQGTTVV VSA (서열 번호 503)	YIHVTQSPSSLSVSIGDRVTINCQTSQGVGSDLHW YQHKPGRAPKLLIHHITSSVEDGVPSRFSGSGFHTS FNLTISDLQADDIATYYCQVLQFFGRGSRLHIK (서열 번호 513)
CD4BS "b" (쇼글리칸)	RAHLVQSGTAMKKPGASVRVSCQTSGYTFTAHILFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGAVNFGGFRDRVTLTRDVYREIAY MDIRGLKPDDTAVYYCARDRSYGDSSWALDAWGQGTTVV VSA (서열 번호 503)	YIHVTQSPSSLSVSIGDRVTINCQTSQGVGSDLHW YQHKPGRAPKLLIHHITSSVEDGVPSRFSGSGFHTS F*QL*TISDLQADDIATYYCQVLQFFGRGSRLHIK (서열 번호 514)
CD4BS "b" (Δ이성질체화 D55E)	RAHLVQSGTAMKKPGASVRVSCQTSGYTFTAHILFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGAVNFGGFRDRVTLTRDVYREIAY MDIRGLKPDDTAVYYCARDRSYGDSSWALDAWGQGTTVV VSA (서열 번호 503)	YIHVTQSPSSLSVSIGDRVTINCQTSQGVGSDLHW YQHKPGRAPKLLIHHITSSVE*E*GVPSRFSGSGFHTS FNLTISDLQADDIATYYCQVLQFFGRGSRLHIK (서열 번호 515)

[1357]

[1358]

CD4BS "b" (Δ이성질체화 G56A)	RAHLVQSGTAMKKPGASVRVSCQTSGYTFTAHILFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGAVNFGGGFRDRVTLTRDVYREIAY MDIRGLKPDDTAVYYCARDRSYGDSSWALDAWGQGTTVV VSA (서열 번호 503)	YIHVTQSPSSLSVSIGDRVTINCQTSQGVGSDLHW YQHKPGRAPKLLIHHTSSVEDAVPSRFSGSGFHTS FNLTISDLQADDIATYYCQVLQFFGRGSRLHIK (서열 번호 516)
CD4BS "b" (쇼글리칸 / Δ이성질체화 D55E)	RAHLVQSGTAMKKPGASVRVSCQTSGYTFTAHILFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGAVNFGGGFRDRVTLTRDVYREIAY MDIRGLKPDDTAVYYCARDRSYGDSSWALDAWGQGTTVV VSA (서열 번호 503)	YIHVTQSPSSLSVSIGDRVTINCQTSQGVGSDLHW YQHKPGRAPKLLIHHTSSVEEGVPSRFSGSGFHTS FQLTISDLQADDIATYYCQVLQFFGRGSRLHIK (서열 번호 517)
MPER	EVRLVESGGGLVKPGGSLRLSCASGFDFDNAWMTWVRQP PGKGLEWVGRITGPGEGWSVDYAESVKGRFTISRDNTKNTL YLEMNNVRTEDTGYYFCARTGKYYDFWSGYPPGEEYFQD WGQGTLVTVSS (서열 번호 504)	ASELTQDPAVSVALKQTVTITCRGDSLRSHYASW YQKKPGQAPVLLFYGKNNRPSGIPDRFSGSASGN RASLTITGAQAEDEADYYCSSRDKSGSRLSVFGG GTKLTVL (서열 번호 518)
MPER_100W	EVRLVESGGGLVKPGGSLRLSCASGFDFDNAWMTWVRQP PGKGLEWVGRITGPGEGWSVDYAESVKGRFTISRDNTKNTL YLEMNNVRTEDTGYYFCARTGKYYDFWWGYPPGEEYFQD WGQGTLVTVSS (서열 번호 505)	ASELTQDPAVSVALKQTVTITCRGDSLRSHYASW YQKKPGQAPVLLFYGKNNRPSGIPDRFSGSASGN RASLTITGAQAEDEADYYCSSRDKSGSRLSVFGG GTKLTVL (서열 번호 518)
V1/V2 유도된 "a"	QVHLTQSGPEVRKPGTSVKVSCKAPGNTLKTYDLHWVRSV PGQGLQWMGWISHEGDKKVTVERFKAKVTIDWDRSTNTAY LQLSGLTSGDTAVYYCAKGSKHRLRDYALYDDDGALNWA VDVDYLSNLEFWGQGTAVTVSS (서열 번호 506)	DFVLTQSPHSLSVTPGESASISCKSSHSLIHGDRNN YLAWYVQKPGRSPQLLIYLASSRASGVPDRFSGS GSDKDFTLKISRVETEDVGTYYCMQGRESPWTFG QGTKVDIK (서열 번호 519)
V1/V2 유도된 "b"	QVQLVESGGGVVQPGTSLRLSCAASQFRFDGYGMHWVRQ APGKGLEWVASISHDGIKKYHAEKVWGRFTISRDNSKNTLY LQMNSLRPEDTALYYCAKDLREDECEEWWSDYYDFGKQLP CAKSRGGLVGIADNWGQGTMVTVSS (서열 번호 507)	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGNTSNIGNNFVS WYQQRPGRAPQLLIYETDKRPSGIPDRFSASKSGT SGTLAITGLQTGDEADYYCATWAASLSSARVFGT GTKVIVL (서열 번호 520)
V3 유도	QMQLQESGPGLVKPSETLSLTCSVSGASISDSYWSWIRRSPG KGLEWIGYVHKSGDTNYSPSLKSRVNLSLDTSKNQVSLSLV AATAADSGKYYCARTLHGRRIYGIVAFNEWFTYFYMDVW GNGTQVTVSS	SDISVAPGETARISCGEKSLGSRAVQWYQHRAGQ APSLIIYNNQDRPSGIPERFSGSPDSPFGTTATLTIT SVEAGDEADYYCHIWDSRVPTKWVFGGGTTLTV L

	(서열 번호 508)	(서열 번호 521)
CD28	QVQLVQSGAEVVKPGASVKVSCKASGYTFTSYYIHWVRQA PGQGLEWIGSIYPGNVNTNYAQKFQGRATLTVDTSISTAYM ELSRLRSDDTAVYYCTRSHYGLDWNFDVWGKGTTVTVSS (서열 번호 509)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQNIYVWLN WYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDIATYYCQQGQTYPYTFGQGTK LEIK (서열 번호 522)
CD28_2	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGFSLSDYGVHWVRQPP GKGLEWLGVIWAGGGTNYNPSLKSRKTISKDTSKNQVSLKL SSVTAADTAVYYCARDKGYSYYYSMDYWGQGTTVTVSS (서열 번호 510)	DIVLTQSPASLAVSPGQRATITCRASESVEYYVTS LMQWYQQKPGQPPKLLIFAASNVESGVPARFSGS GSGTDFTLTINPVEANDVANYYCQQSRKVPYTFG QGTKLEIK (서열 번호 523)
CD3	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFTKAWMHWVRQ APGKQLEWVAQIKDKSNSYATYYADSVKGRFTISRDDSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCRGVYYALSPFDYWGQGTLVTV SS (서열 번호 511)	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNNAN TYLSWYLQKPGQSPQSLIYKVSNRFSGVPDRFSGS GSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCGQGTQYPFTFG SGTKVEIK (서열 번호 524)

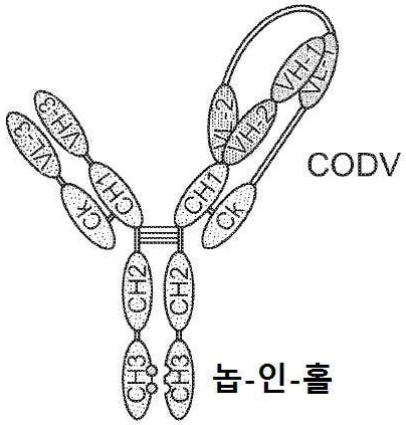
CDR 서열에는 밑줄이 그어져 있음.
가변 도메인 변형은 볼드체의 이탤릭체로 예시되어 있음.

[1359]

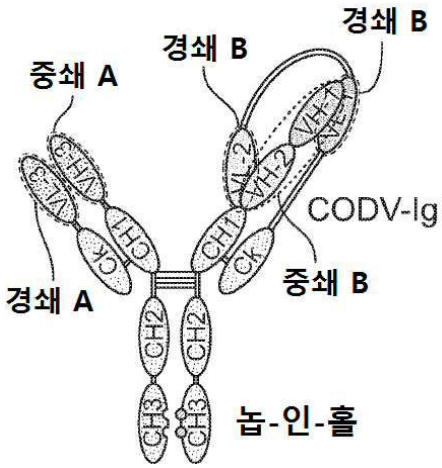
도면

도면1a

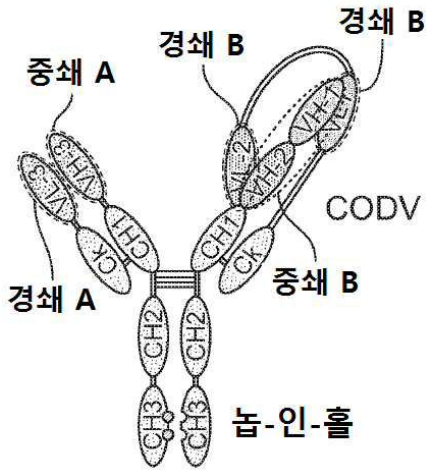
도면1b



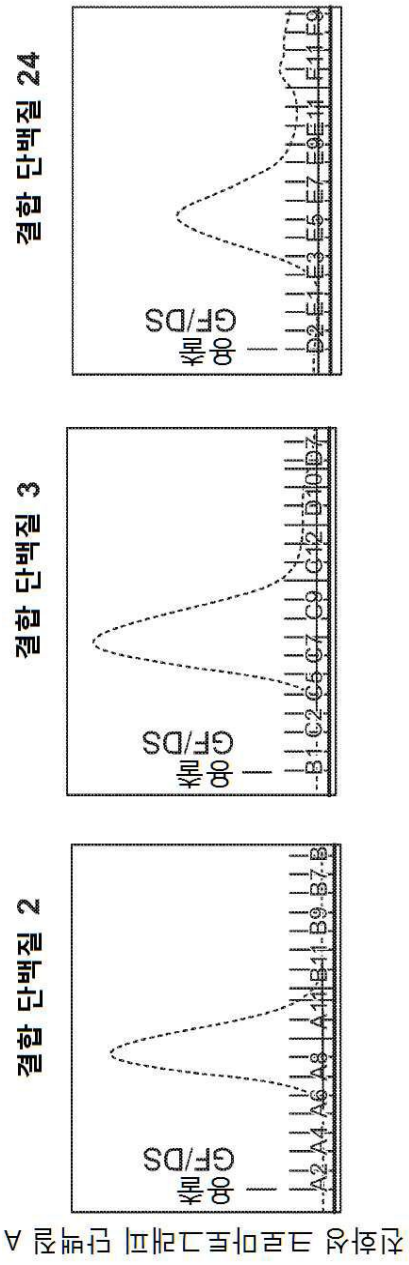
도면1c



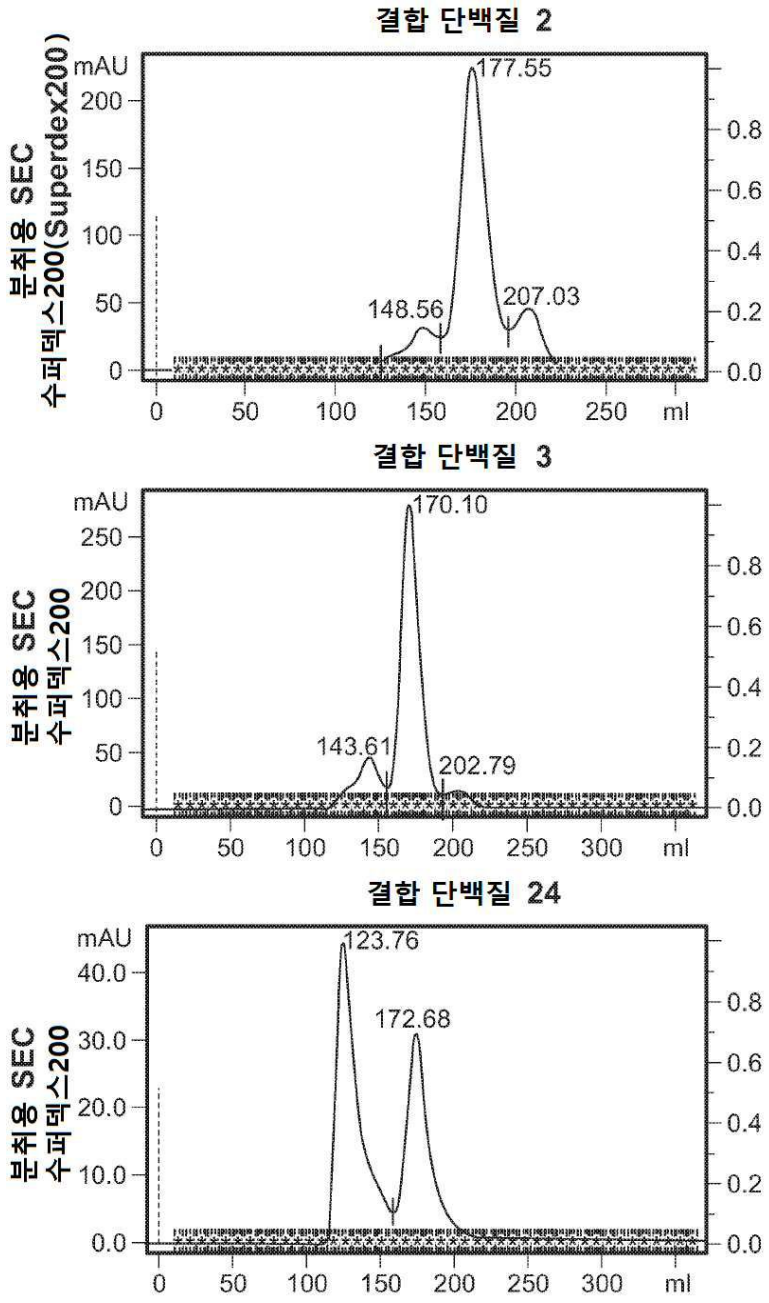
도면1d



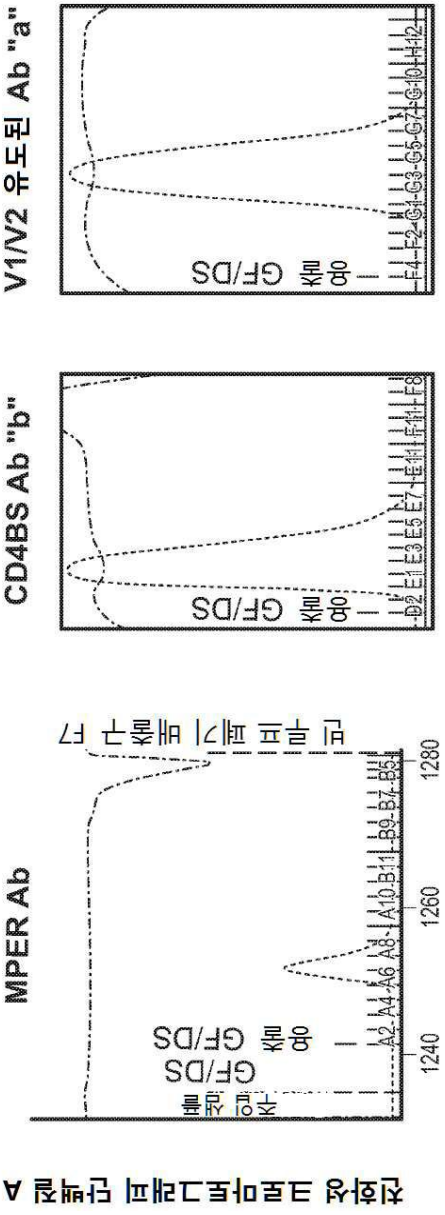
도면2a



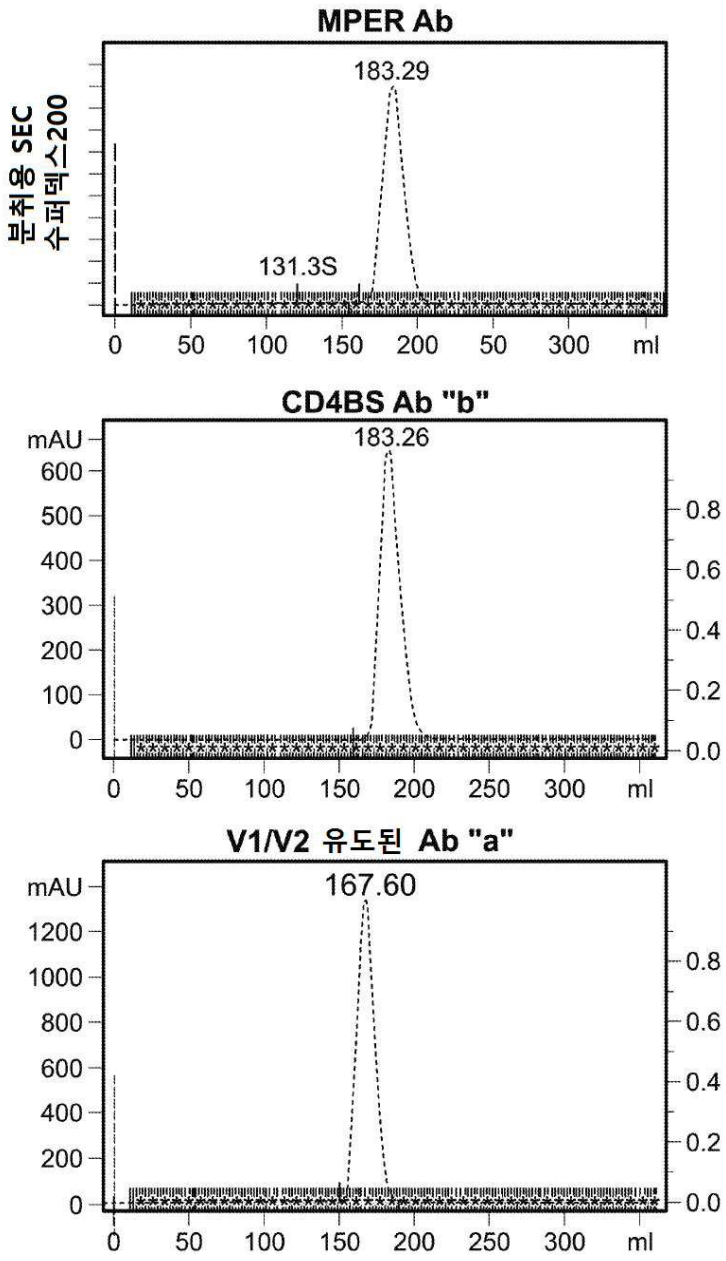
도면2b


결합 단백질 2
분취용 SEC
수퍼덱스200(Superdex200)
mAU
177.55
148.56
207.03
ml
결합 단백질 3
분취용 SEC
수퍼덱스200
mAU
170.10
143.61
202.79
ml
결합 단백질 24
분취용 SEC
수퍼덱스200
mAU
123.76
172.68
ml

도면3a


V1/V2 유도된 Ab "a"
응집 GF/DS
F4 F2 G1 G3 G5 G7 G10 H12
CD4BS Ab "b"
응집 GF/DS
D2 E1 E3 E5 E7 E11 F11 F8
MPER Ab
빈 튜브 피크 배출구 F7
응집 GF/DS
GF/DS
비응집
A2 A4 A6 A8 A10 B11 B9 B7 B5
1240
1260
1280
전화성 크로마토그래피 단백질 A

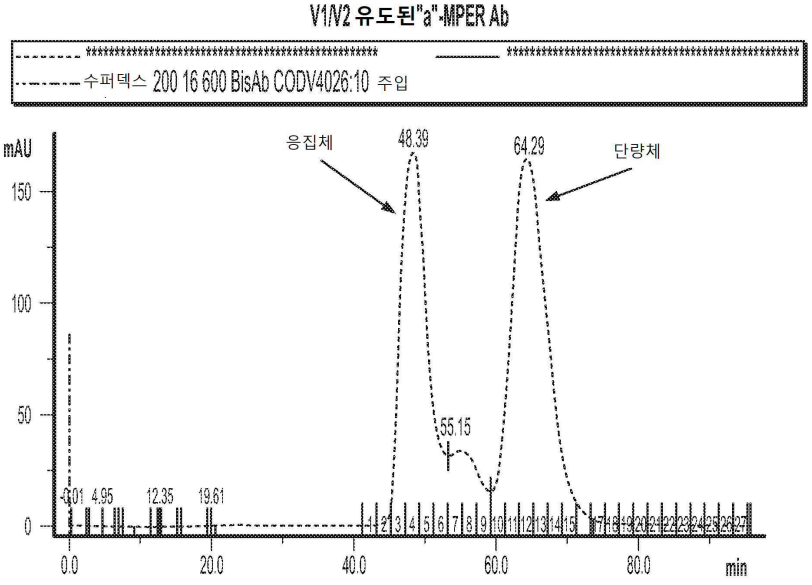
도면3b


MPER Ab
분취용 SEC
수퍼덱스200
183.29
131.3S
0
50
100
150
200
50
300
ml
CD4BS Ab "b"
183.26
mAU
600
500
400
300
200
100
0
0.8
0.6
0.4
0.2
0.0
0
50
100
150
200
250
300
ml
V1/V2 유도된 Ab "a"
167.60
mAU
1200
1000
800
600
400
200
0
0.8
0.6
0.4
0.2
0.0
0
50
100
150
200
250
300
ml

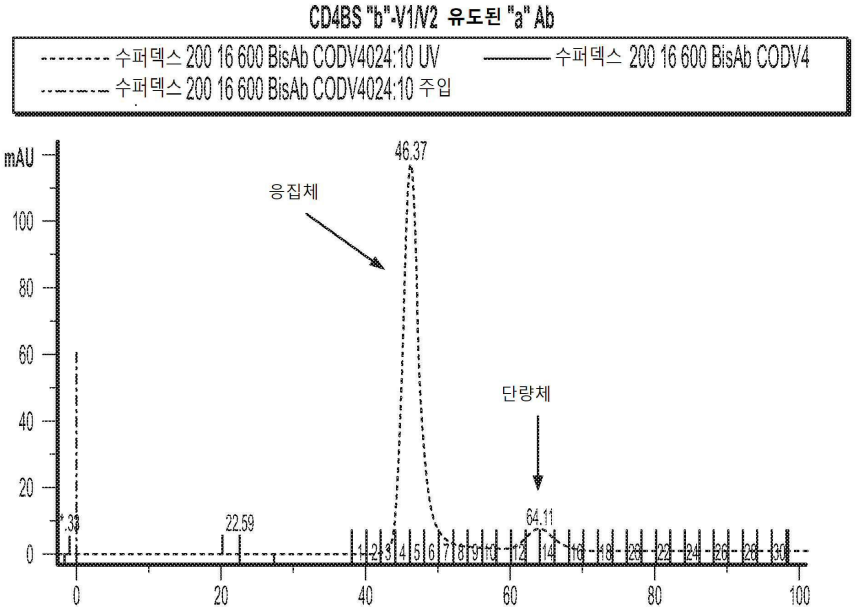
도면4aa

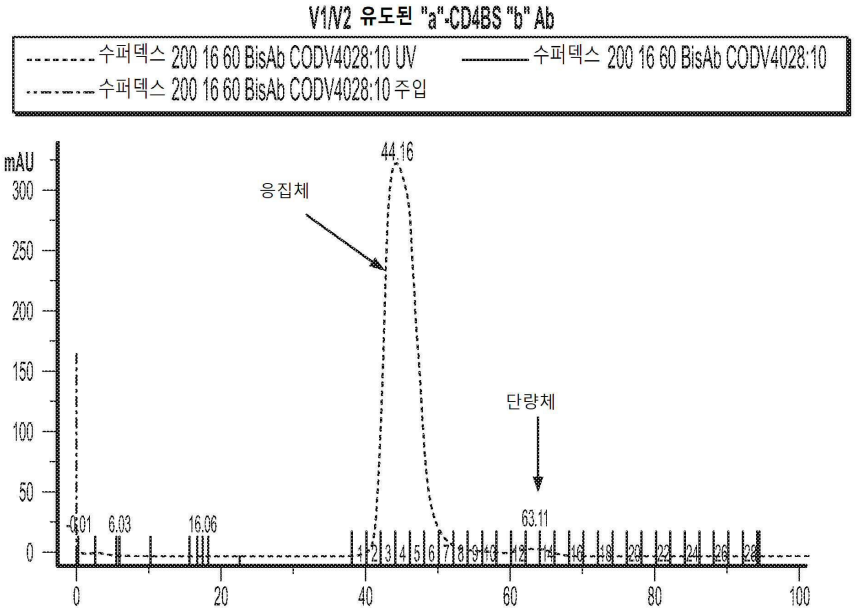
MPER-V1/V2 유도된 "a" Ab

V1/V2 유도된"a"-MPER Ab



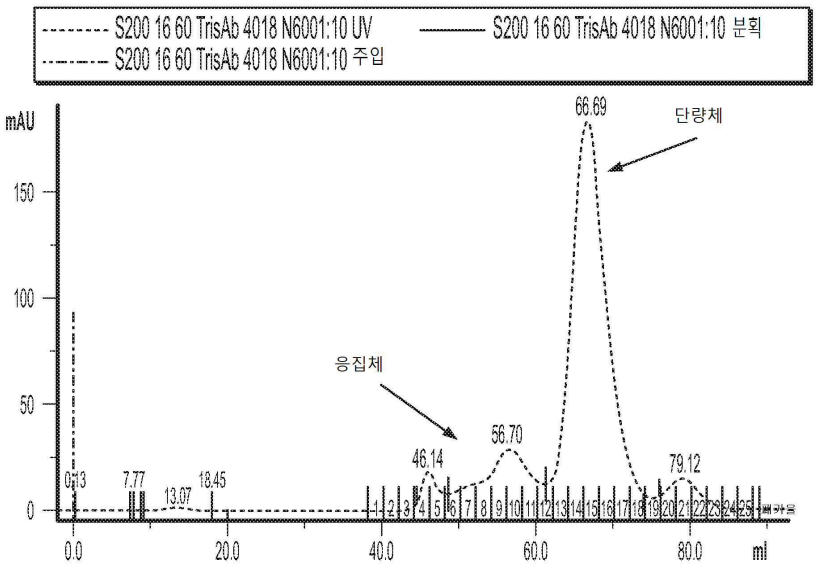
도면4ab


CD4BS "b"-V1/V2 유도된 "a" Ab
수퍼덱스 200 16 600 BisAb CODV4024:10 UV
수퍼덱스 200 16 600 BisAb CODV4
수퍼덱스 200 16 600 BisAb CODV4024:10 주입
mAU
46.37
응집체
단량체
22.59
64.11

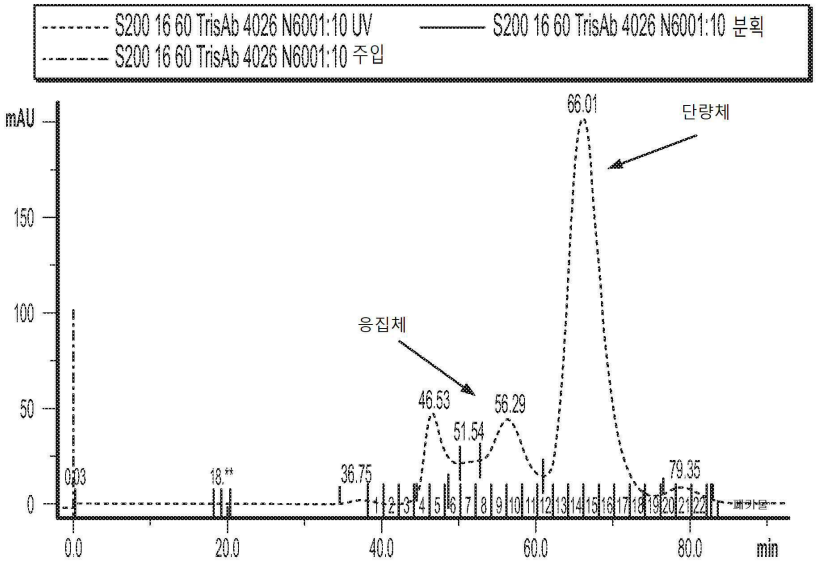

V1/V2 유도된 "a"-CD4BS "b" Ab
수퍼덱스 200 16 60 BisAb CODV4028:10 UV
수퍼덱스 200 16 60 BisAb CODV4028:10
수퍼덱스 200 16 60 BisAb CODV4028:10 주입
mAU
44.16
응집체
단량체
6.03
16.06
63.11

도면4ba

결합 단백질 2

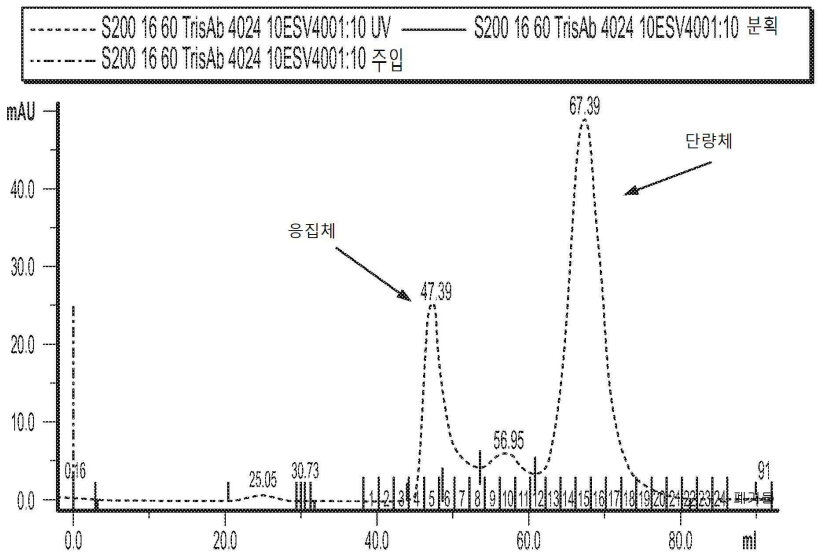


결합 단백질 3

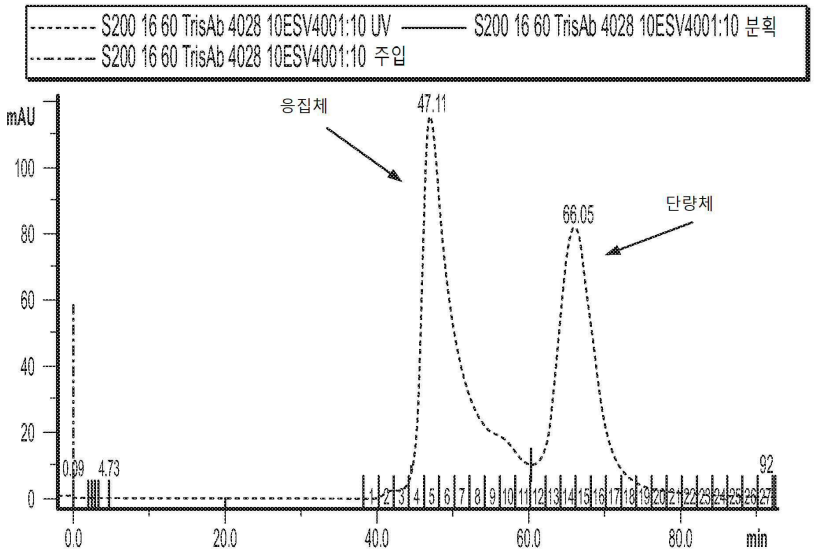


도면4bb

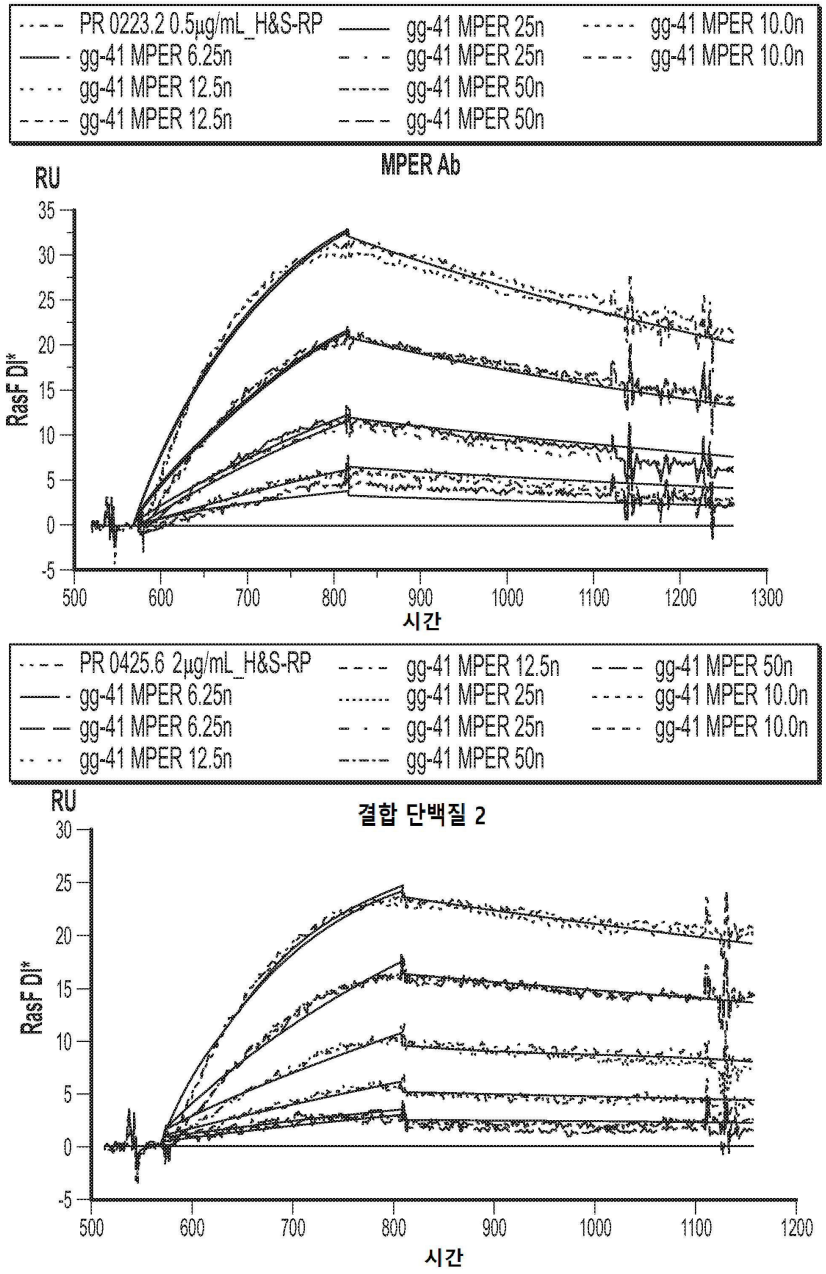
결합 단백질 23



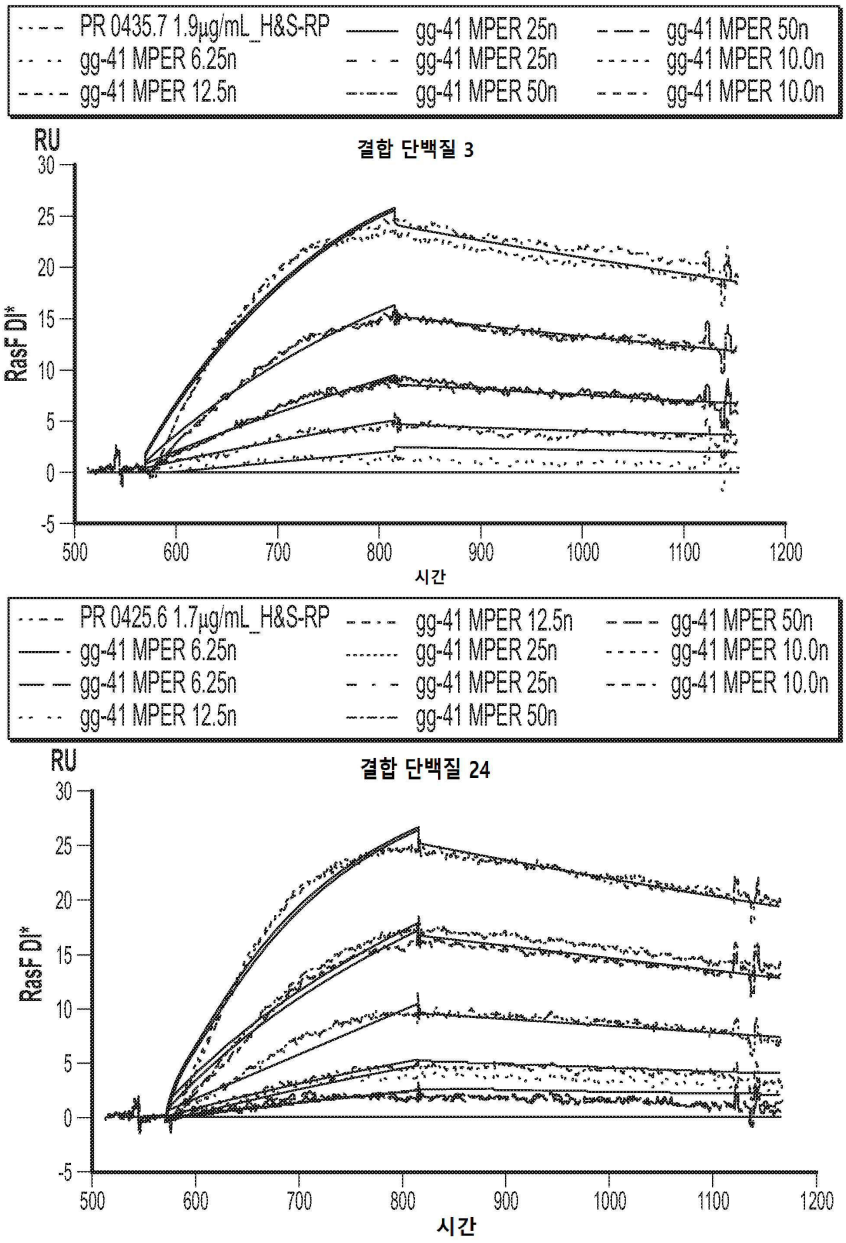
결합 단백질 24



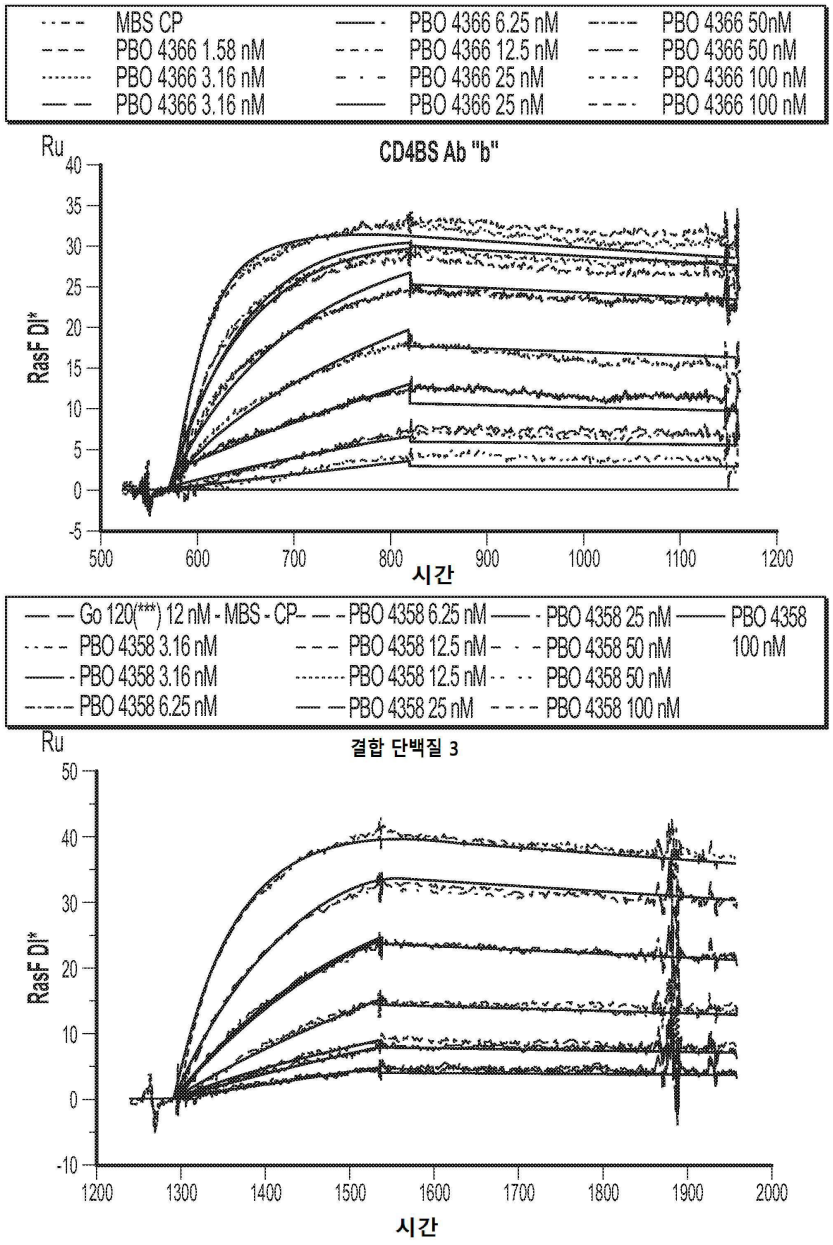
도면5a


PR 0223.2 0.5μg/mL_H&S-RP
gg-41 MPER 6.25n
gg-41 MPER 12.5n
gg-41 MPER 12.5n
gg-41 MPER 25n
gg-41 MPER 25n
gg-41 MPER 50n
gg-41 MPER 50n
gg-41 MPER 10.0n
gg-41 MPER 10.0n
MPER Ab
RU
RasF DI*
시간
PR 0425.6 2μg/mL_H&S-RP
gg-41 MPER 6.25n
gg-41 MPER 6.25n
gg-41 MPER 12.5n
gg-41 MPER 12.5n
gg-41 MPER 25n
gg-41 MPER 25n
gg-41 MPER 50n
gg-41 MPER 50n
gg-41 MPER 10.0n
gg-41 MPER 10.0n
결합 단백질 2
RU
RasF DI*
시간

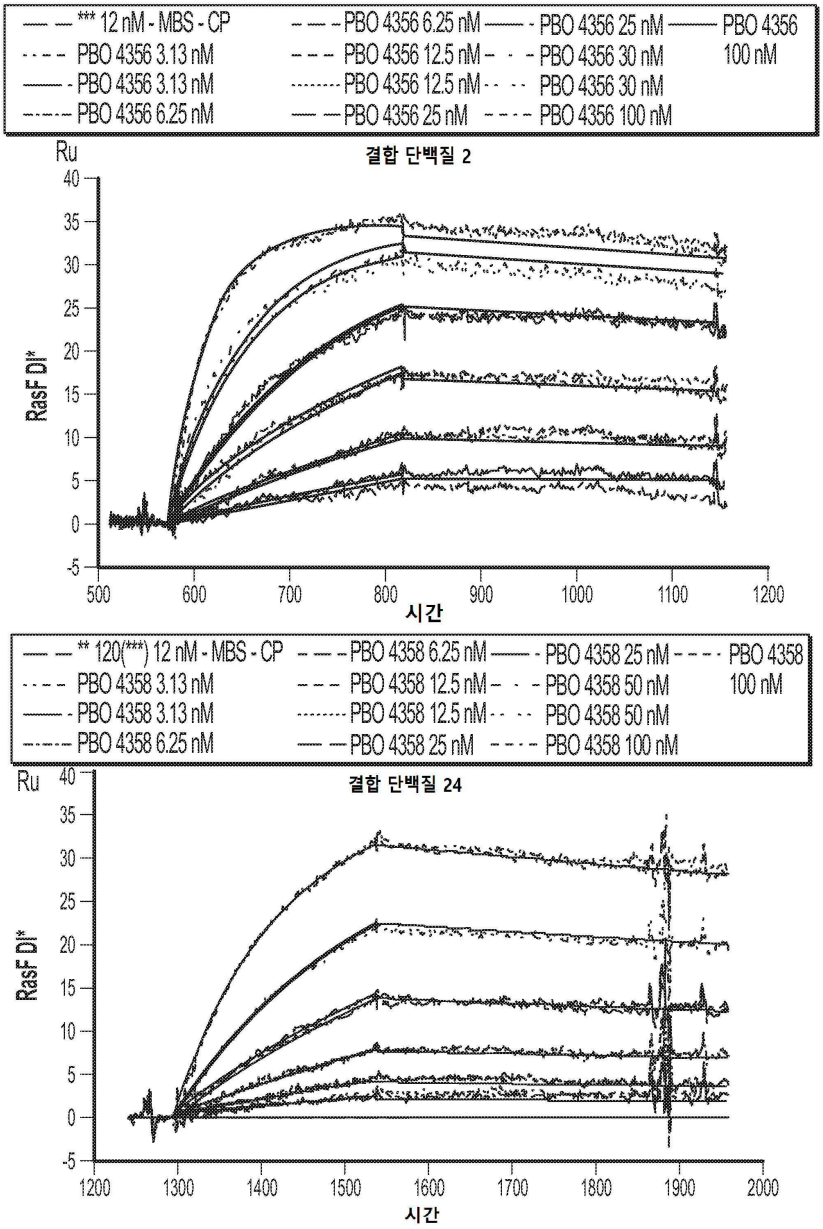
도면5b


PR 0435.7 1.9μg/mL_H&S-RP
gg-41 MPER 6.25n
gg-41 MPER 12.5n
gg-41 MPER 25n
gg-41 MPER 25n
gg-41 MPER 50n
gg-41 MPER 50n
gg-41 MPER 10.0n
gg-41 MPER 10.0n
RU
결합 단백질 3
RasF DI*
시간
PR 0425.6 1.7μg/mL_H&S-RP
gg-41 MPER 6.25n
gg-41 MPER 6.25n
gg-41 MPER 12.5n
gg-41 MPER 12.5n
gg-41 MPER 25n
gg-41 MPER 25n
gg-41 MPER 50n
gg-41 MPER 50n
gg-41 MPER 10.0n
gg-41 MPER 10.0n
RU
결합 단백질 24
RasF DI*
시간

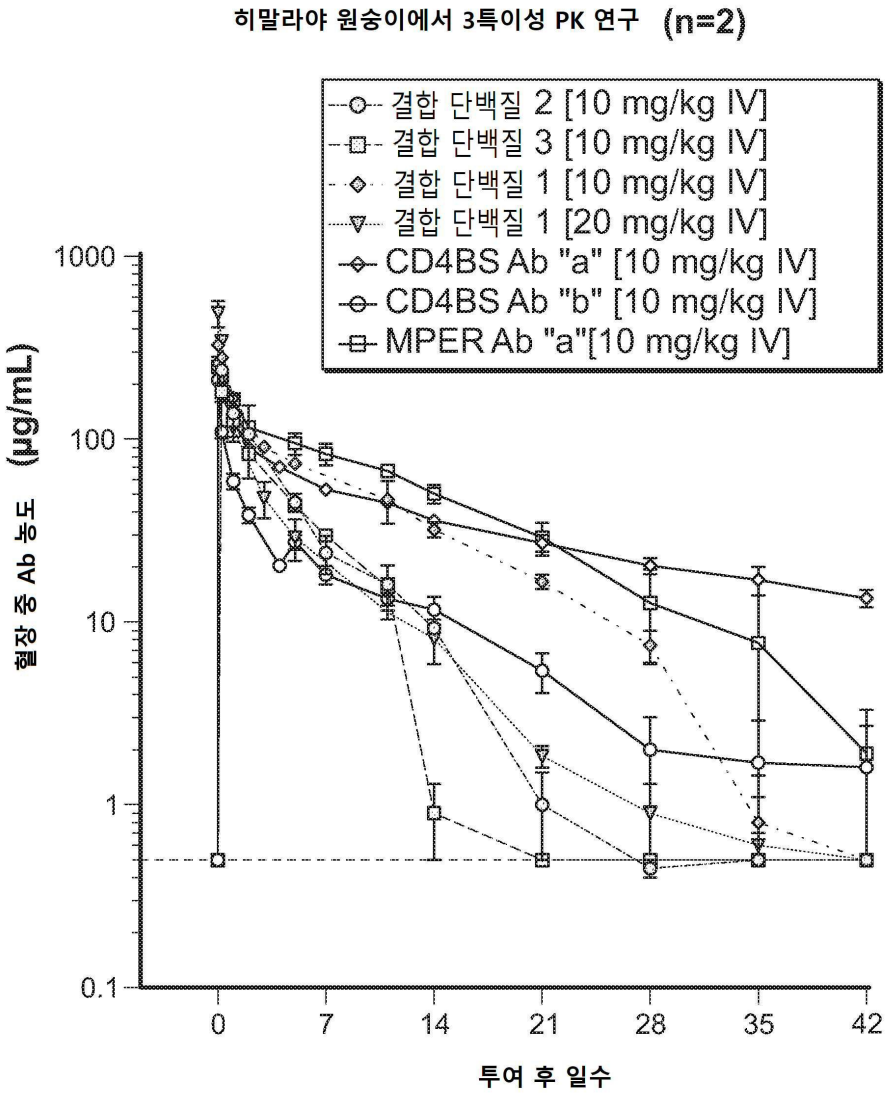
도면6a


MBS CP
PBO 4366 1.58 nM
PBO 4366 3.16 nM
PBO 4366 3.16 nM
PBO 4366 6.25 nM
PBO 4366 12.5 nM
PBO 4366 25 nM
PBO 4366 25 nM
PBO 4366 50nM
PBO 4366 50 nM
PBO 4366 100 nM
PBO 4366 100 nM
Ru
CD4BS Ab "b"
RasF DI*
시간
Go 120(***) 12 nM - MBS - CP
PBO 4358 6.25 nM
PBO 4358 25 nM
PBO 4358 100 nM
PBO 4358 3.16 nM
PBO 4358 12.5 nM
PBO 4358 50 nM
PBO 4358 3.16 nM
PBO 4358 12.5 nM
PBO 4358 50 nM
PBO 4358 6.25 nM
PBO 4358 25 nM
PBO 4358 100 nM
Ru
결합 단백질 3
RasF DI*
시간

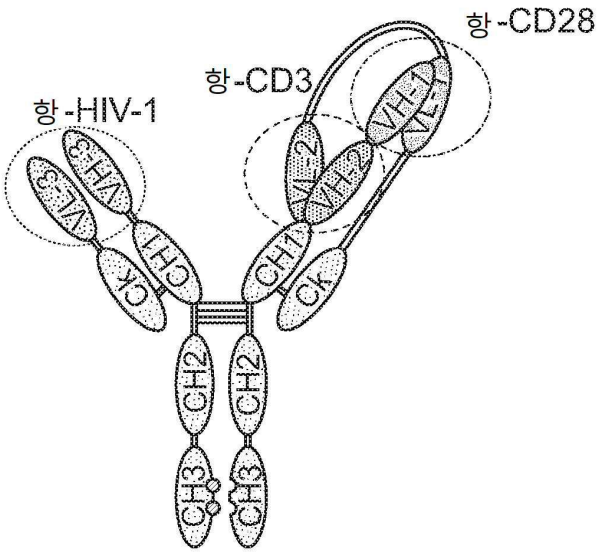
도면6b


*** 12 nM - MBS - CP
PBO 4356 3.13 nM
PBO 4356 3.13 nM
PBO 4356 6.25 nM
PBO 4356 6.25 nM
PBO 4356 12.5 nM
PBO 4356 12.5 nM
PBO 4356 25 nM
PBO 4356 25 nM
PBO 4356 30 nM
PBO 4356 30 nM
PBO 4356 100 nM
PBO 4356 100 nM
Ru
결합 단백질 2
RasF DI*
시간
** 120(***) 12 nM - MBS - CP
PBO 4358 3.13 nM
PBO 4358 3.13 nM
PBO 4358 6.25 nM
PBO 4358 6.25 nM
PBO 4358 12.5 nM
PBO 4358 12.5 nM
PBO 4358 25 nM
PBO 4358 25 nM
PBO 4358 50 nM
PBO 4358 50 nM
PBO 4358 100 nM
PBO 4358 100 nM
Ru
결합 단백질 24
RasF DI*
시간

도면7

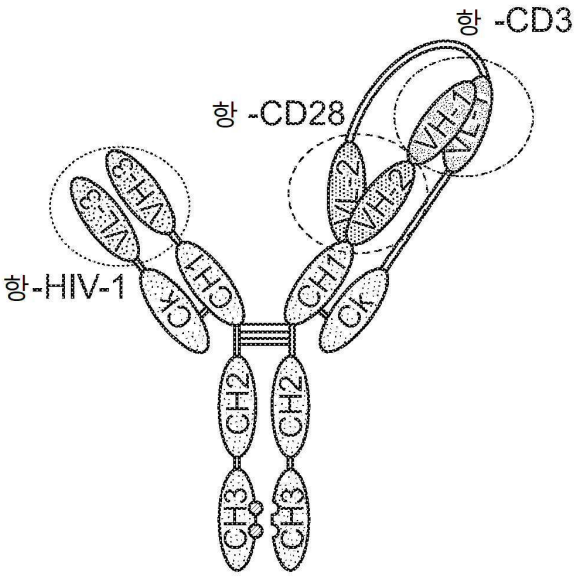

히말라야 원숭이에서 3특이성 PK 연구 (n=2)
결합 단백질 2 [10 mg/kg IV]
결합 단백질 3 [10 mg/kg IV]
결합 단백질 1 [10 mg/kg IV]
결합 단백질 1 [20 mg/kg IV]
CD4BS Ab "a" [10 mg/kg IV]
CD4BS Ab "b" [10 mg/kg IV]
MPER Ab "a"[10 mg/kg IV]
혈장 중 Ab 농도 (μg/mL)
1000
100
10
1
0.1
0
7
14
21
28
35
42
투여 후 일수

도면8a



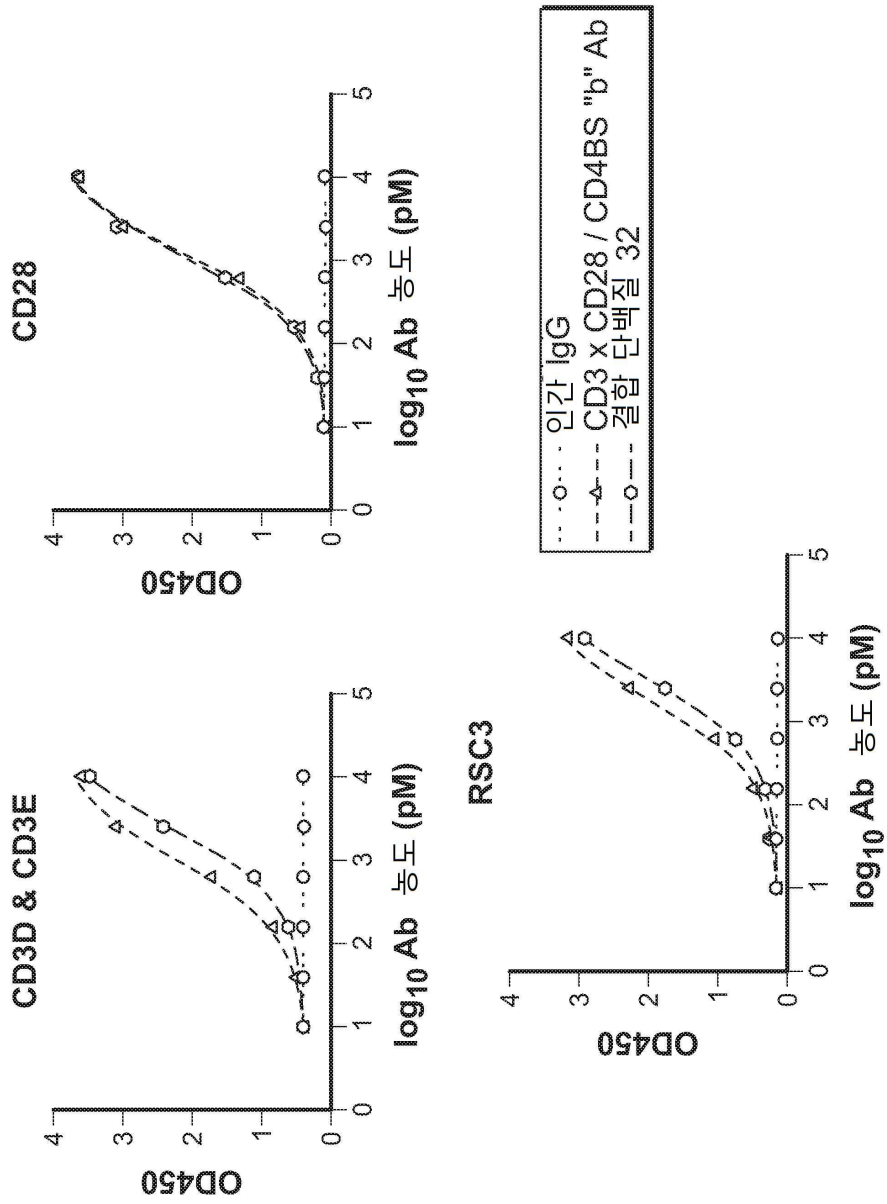
포맷 - 3특이성 T-세포 관여항체

도면8b

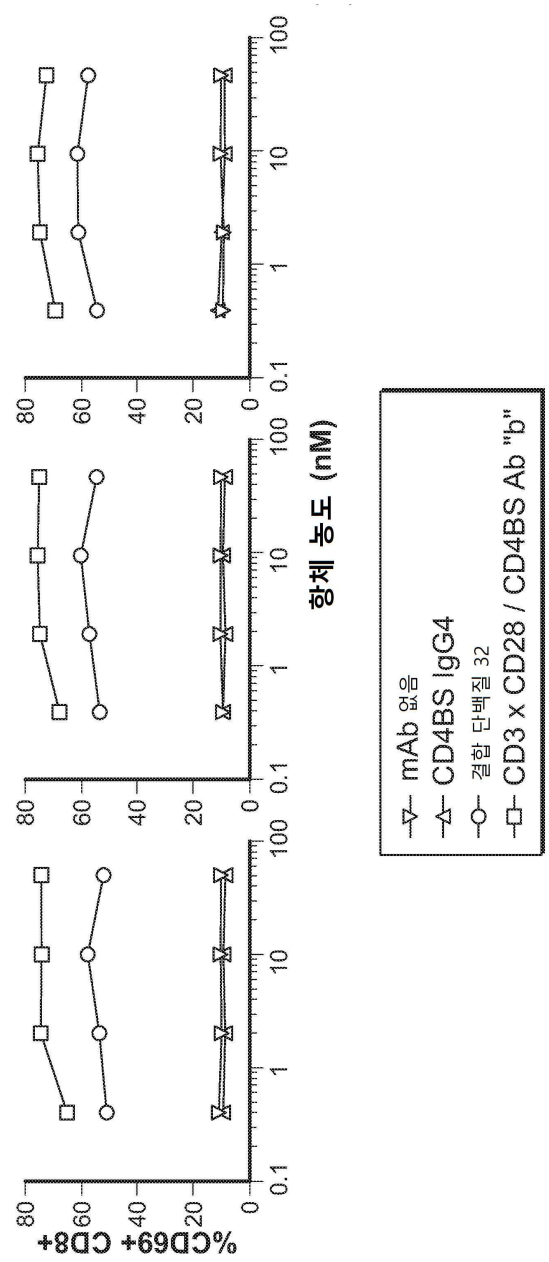


포맷 - 3특이성 T 세포 관여항체

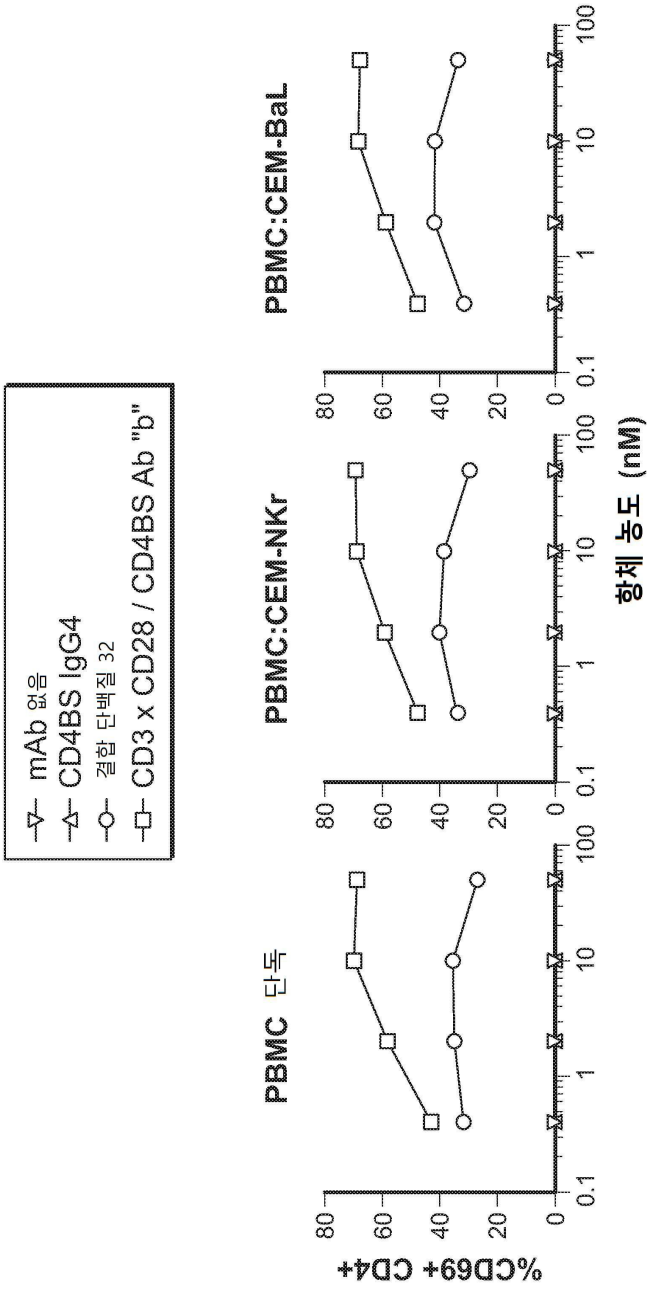
도면9


CD28
CD3D & CD3E
RSC3
OD450
log10 Ab 농도 (pM)
인간 IgG
CD3 x CD28 / CD4BS "b" Ab
결합 단백질 32

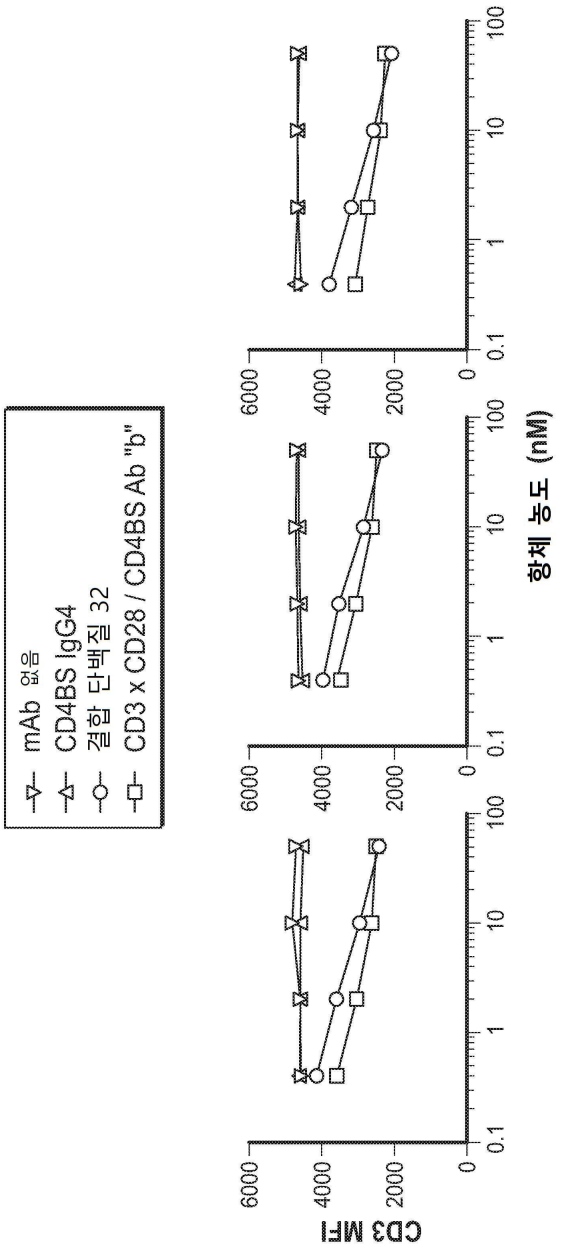
도면10


%CD69+ CD8+
0
20
40
60
80
0.1
1
10
100
항체 농도 (nM)
mAb 없음
CD4BS IgG4
결합 단백질 32
CD3 x CD28 / CD4BS Ab "b"

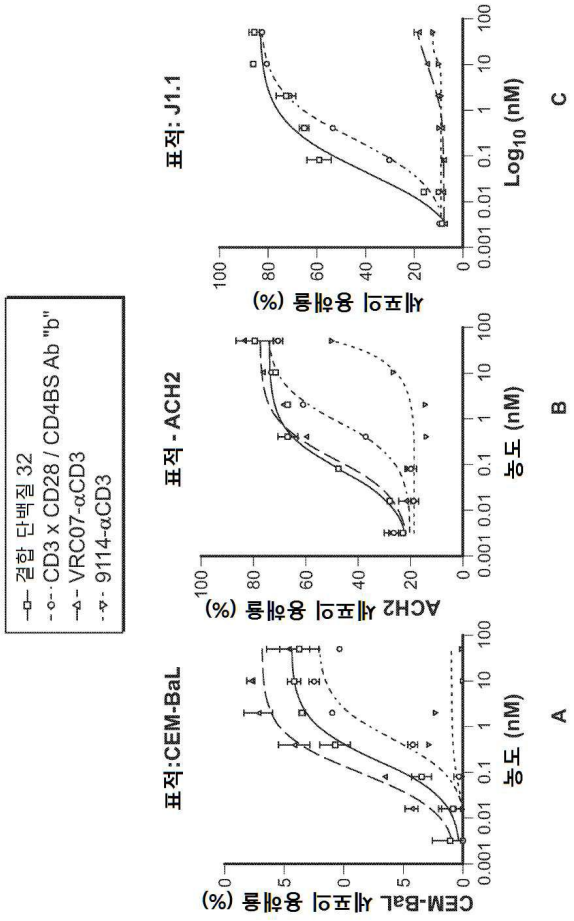
도면11


mAb 없음
CD4BS IgG4
결합 단백질 32
CD3 x CD28 / CD4BS Ab "b"
PBMC 단독
PBMC:CEM-NKr
PBMC:CEM-BaL
%CD69+ CD4+
항체 농도 (nM)
0
20
40
60
80
0.1
1
10
100

도면12


mAb 없음
CD4BS IgG4
결합 단백질 32
CD3 x CD28 / CD4BS Ab "b"
CD3 MFI
0
2000
4000
6000
0.1
1
10
100
항체 농도 (nM)

도면13



서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> Yang, Zhi-Yong

Nabel, Gary J.

Xu, Ling

Wei, Ronnie

Qui, Huawei

Beninga, Jochen

Kruip, Jochen

Rao, Ercole

Leuschner, Wulf Dirk

Beil, Christian

Lange, Christian

Connors, Mark

Mascola, John R.

Koup, Richard A.

Huang, Jinghe

Doria-Rose, Nicole A.

Zhou, Tongqing

Kwong, Peter D.

Kwon, Young Do

Pegu, Amarendra

<120> TRISPECIFIC AND/OR TRIVALENT BINDING

PROTEINS FOR PREVENTION OR TREATMENT OF HIV INFECTION

<130> 183952027041

<140> Not Yet Assigned

<141> Concurrently Herewith

<160> 526

<170> FastSEQ for Windows Version 4.0

<210> 1

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 1

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
20 25 30

Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
65 70 75 80

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly

100 105 110

Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala

130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val

145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala

165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His

195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys

210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly

225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met

245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His

260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val

275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr

290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly

305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile

325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val

340 345 350

Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser

355 360 365

Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu

370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val

405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Leu

420 425 430

His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser

435 440 445

Pro Gly

450

<210> 2

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 2

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala

20 25 30

Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser

35 40 45

Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg

50 55 60

Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp

65 70 75 80

Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr

85 90 95

Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 3

<211> 611

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 3

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly

130 135 140

Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala

145 150 155 160

Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val

165 170 175

Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp

180 185 190

Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp

195 200 205

Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser

210 215 220

Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu

225 230 235 240

Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val

245 250 255

Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala

260 265 270

Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro

275 280 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

290 295 300

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr

305 310 315 320

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

325 330 335

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

340 345 350

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

355 360 365

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

370 375 380

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

385 390 395 400

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

405 410 415

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

420 425 430

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

435 440 445

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

450 455 460

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

465 470 475 480

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

485 490 495

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

500 505 510

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

515 520 525

Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
530 535 540
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
565 570 575
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
580 585 590
Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
595 600 605
Ser Pro Gly
610

<210> 4
<211> 338

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 4
Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser

115 120 125

Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu

130 135 140

Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro

145 150 155 160

Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp

165 170 175

Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr

180 185 190

Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp

195 200 205

Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

210 215 220

Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

260 265 270

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

275 280 285

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

325 330 335

Glu Cys

<210> 5

<211> 1350

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 5

caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 660

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgccccga actgctggga 720

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1080

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccct 1200

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgctgcacg aggccctgca cagccactac 1320

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1350

<210> 6

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 6

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 7

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 7

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420

acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480

cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga 540

ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600

aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660

ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720

agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780

ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

gggggaccgt cagtcttcct cttccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 8

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 8

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgcatccgaa 360
ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420
ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggtatcaga agaaacccgg ccaggcacct 480
gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540
agtgcatcag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600
gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660
actaaactga ccgtcctcga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct accccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 9
<211> 451
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 9

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

130 135 140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

195 200 205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
210 215 220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225 230 235 240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
245 250 255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

260 265 270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
275 280 285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
290 295 300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305 310 315 320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 10

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 10

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
195 200 205
Glu Cys
210

<210> 11
<211> 611
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 11

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly

130 135 140

Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala

145 150 155 160

Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val

165 170 175

Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp

180 185 190

Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp

195 200 205

Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser

210 215 220

Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu

225 230 235 240

Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val

245 250 255

Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala

260 265 270

Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro

275 280 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
290 295 300
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
325 330 335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

340 345 350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
355 360 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
370 375 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
385 390 395 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

405 410 415
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
420 425 430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
435 440 445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
450 455 460
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

465 470 475 480
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
485 490 495
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
500 505 510
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
515 520 525
Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

530 535 540

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 12

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 12

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
115 120 125
Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
130 135 140
Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
145 150 155 160
Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp

165 170 175
Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
180 185 190
Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
195 200 205
Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
210 215 220
Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
245 250 255
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
260 265 270
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
275 280 285
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
305 310 315 320
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
325 330 335
Glu Cys

<210> 13

<211> 1353

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 13

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

<210> 14

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223

> Synthetic Construct

<400> 14

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 15

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 15

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420

acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480

cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga 540

ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600

aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660

ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720

agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780

ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 16

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 16

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atcccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgcatccgaa 360

ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420

ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggtatcaga agaaacccgg ccaggcacct 480

gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540

agtgcatcag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600

gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660

actaaactga ccgtcctcga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 17

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 17

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro

115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr

145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 18

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 18

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
195 200 205
Glu Cys
210

<210> 19
<211> 611
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 19
Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
20 25 30
Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe

50 55 60

Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp

100 105 110

Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu

115 120 125

Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr

130 135 140

His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro

145 150 155 160

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp

165 170 175

Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

180 185 190

Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr

195 200 205

Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys

210 215 220

Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly

225 230 235 240

Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly

245 250 255

Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu

260 265 270

Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro

275 280 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

290 295 300

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

325 330 335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
340 345 350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
355 360 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
370 375 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

385 390 395 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
405 410 415
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
420 425 430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
435 440 445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

450 455 460
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
465 470 475 480
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
485 490 495
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
500 505 510
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

515 520 525
Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
530 535 540
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 20

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 20

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln

1 5 10 15

Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala

20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr

35 40 45

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg

85 90 95

Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr

100 105 110

His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr

115 120 125

Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile

130 135 140

His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly

145 150 155 160

Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly

165 170 175

Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu

180 185 190

Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met

195 200 205

Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp

210 215 220

Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

260 265 270

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

275 280 285

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

325 330 335

Glu Cys

<210> 21

<211> 1353

<212

> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 21

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtcccccct gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

<210> 22

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 22

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 23

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 23

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgacaaaa cccataccga ggttagactg gtggagtcag gaggggggct tgtgaagccc 480

ggtgggtctc tccgcctgag ctgttctgcc tccggctttg atttcgataa cgcctggatg 540

acctgggtca ggcagcctcc aggtaaggga ctggagtggg tgggaagaat cacaggtcca 600

ggcgagggct ggtccgtgga ctacgcggaa tctgttaaag ggcggtttac aatctcaagg 660

gacaatacca agaatacctt gtatttggag atgaacaacg tgagaactga agacaccgga 720

tattacttct gtgccagaac aggcaaatac tacgacttct ggtccggcta tccccctggc 780

gaggaatatt ttcaagactg gggtcaggga acccttgtta tcgtgtcctc cgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 24

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 24

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60

acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120

caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180

ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240

gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300

ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgac aaaacccata ccgacttcgt gctgacccag 360

agccctcaca gcctgagcgt gacacctggc gagagcgcca gcatcagctg caagagcagc 420
cactccctga tccacggcga ccggaacaac tacctggctt ggtacgtgca gaagcccggc 480
agatcccccc agctgctgat ctacctggcc agcagcagag ccagcggcgt gcccgataga 540
ttttctggca gcggcagcga caaggacttc accctgaaga tcagccgggt ggaaaccgag 600
gacgtgggca cctactactg tatgcagggc agagagagcc cctggacctt tggccagggc 660
accaaggtgg acatcaagga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 25
<211> 450
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 25

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys

20 25 30
Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
65 70 75 80
Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
100 105 110
Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val

145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys

210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val

275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val

340 345 350

Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser

355 360 365

Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu

370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val

405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met

420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser

435 440 445

Pro Gly

450

<210> 26

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 26

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala

20 25 30

Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser

35 40 45

Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg

50 55 60

Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp

65 70 75 80

Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
85 90 95
Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205
Glu Cys
210
<210> 27
<211> 611
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 27
Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
20 25 30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly

130 135 140

Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala

145 150 155 160

Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val

165 170 175

Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp

180 185 190

Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp

195 200 205

Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser

210 215 220

Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu

225 230 235 240

Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val

245 250 255

Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala

260 265 270

Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro

275 280 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

290 295 300

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
325 330 335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
340 345 350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

355 360 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
370 375 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
385 390 395 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
405 410 415
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

420 425 430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
435 440 445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
450 455 460
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
465 470 475 480
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

485 490 495
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
500 505 510
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
515 520 525
Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
530 535 540
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 28

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 28

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser

115 120 125

Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
130 135 140
Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
145 150 155 160
Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
165 170 175
Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr

180 185 190
Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
195 200 205
Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
210 215 220
Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
225 230 235 240
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
260 265 270
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
275 280 285
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
290 295 300
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
325 330 335
Glu Cys

<210> 29
<211> 1350
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 29

caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 660

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgccccga actgctggga 720

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1080

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccct 1200

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1320

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1350

<210> 30

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 30

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 31

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 31

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtggggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420

acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480

cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga 540

ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600

aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660

ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720

agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780

ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 32

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 32

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atcccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgcatccgaa 360

ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420

ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggtatcaga agaaacccgg ccaggcacct 480

gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540

agtgcatcag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600

gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660

actaaactga ccgtcctcga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 33

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 33

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys

20 25 30

Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe

65 70 75 80

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly

100 105 110

Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala

130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val

145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala

165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His

195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys

210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly

225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met

245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His

260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val

275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr

290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly

305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile

325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val

340 345 350

Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365

Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445

Pro Gly
450

<210> 34

<211> 210

<212>
PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 34

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
20 25 30

Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
35 40 45

Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg

50 55 60

Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
65 70 75 80

Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr

85 90 95

Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 35

<211> 602

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 35

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly

130 135 140

Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val

145 150 155 160

Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser

165 170 175

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp

180 185 190

Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp

195 200 205

Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala

210 215 220

Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile

225 230 235 240

Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp

245 250 255

Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His

260 265 270

Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser

275 280 285

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp

290 295 300

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

305 310 315 320

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

325 330 335

Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln

340 345 350

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

355 360 365

Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro

370 375 380

Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

385 390 395 400

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

405 410 415

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn

420 425 430

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

435 440 445

Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

450 455 460

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

465 470 475 480

Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

485 490 495

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp

500 505 510

Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe

515 520 525

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

530 535 540

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

545 550 555 560

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
565 570 575
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
580 585 590
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
595 600

<210> 36
<211> 331
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 36
Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
1 5 10 15
Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
20 25 30
Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
35 40 45
Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr

50 55 60
Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
65 70 75 80
Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
85 90 95
Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
100 105 110
Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val

115 120 125
Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp
130 135 140
Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys

145 150 155 160

Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser

165 170 175

Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu

180 185 190

Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser

195 200 205

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr

210 215 220

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

225 230 235 240

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe

245 250 255

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln

260 265 270

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

275 280 285

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

290 295 300

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

305 310 315 320

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 37

<211> 1350

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 37

caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 660

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgcccccga actgctggga 720

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1080

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccct 1200

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1320

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1350

<210> 38

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 38

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 39

<211> 1806

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 39

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtggggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca gatgcagctg 420

caggagagcg gccctggact cgtgaagccc agcgagaccc tgagcctgac atgcagcgtg 480

agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg agctggatca ggaggagccc tggcaagggc 540

ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc ggcgacacca actacagccc ctccctgaag 600

tccagggtga acctgtccct ggacaccagc aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct 660

gccacagctg ctgacagcgg caagtactac tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc 720

tacggcatcg tggccttcaa cgagtggttc acctacttct acatggacgt gtggggcaac 780

ggcacccagg tgaccgtgag ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840

gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900

ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960

agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtcctcag gactctactc cctcagcagc 1020

gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080

aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140

acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200

ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260

gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg 1320

cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380

gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440

aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500

gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc 1560

ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620

gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680

ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740

tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800

ccgggt 1806

<210> 40

<211> 993

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 40

tccgacatca gcgtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60

ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120

tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcggaag ccccgacagc 180

cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240

tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt gggtgtttgg cggcggcacc 300

accctgaccg tgctggacaa aacccatacc gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc 360

tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgccgag gcgactcact gcggagccac 420

tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag 480

aacaataggc catctggcat ccccgaccgc ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540

agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600

gataagagcg gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660

aagacccata cccgtacggt ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720

cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag 780

gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840

accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900

gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960

cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag tgt 993

<210> 41

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 41

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
20 25 30

Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
65 70 75 80

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
100 105 110

Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350
Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365
Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445
Pro Gly
450

<210> 42
<211> 210
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct

<400> 42
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
20 25 30
Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
35 40 45
Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
50 55 60

Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
65 70 75 80
Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
85 90 95
Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
195 200 205
Glu Cys
210
<210> 43
<211> 611
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 43
Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
20 25 30

Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
50 55 60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
130 135 140
His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro
145 150 155 160

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp
165 170 175
Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
180 185 190
Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr
195 200 205
Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys
210 215 220

Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly
225 230 235 240
Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly
245 250 255
Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu
260 265 270
Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
275 280 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
290 295 300
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
325 330 335

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
340 345 350

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
355 360 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
370 375 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
385 390 395 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
405 410 415

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
420 425 430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
435 440 445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
450 455 460
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
465 470 475 480

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
485 490 495
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
500 505 510
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
515 520 525
Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
530 535 540

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
545 550 555 560
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
565 570 575
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 44

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 44

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln

1 5 10 15

Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala

20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr

35 40 45

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg

85 90 95

Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr

100 105 110

His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr

115 120 125

Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile

130 135 140

His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly

145 150 155 160

Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly
165 170 175

Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu
180 185 190
Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met
195 200 205
Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp
210 215 220
Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
245 250 255
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
260 265 270
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
275 280 285
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
305 310 315 320
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
325 330 335
Glu Cys

<210> 45
<211> 1350
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 45
caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catcgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 660

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgccccga actgctggga 720

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1080

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccccc 1200

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1320

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1350

<210> 46

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 46

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 47

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 47

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgacaaaa cccataccga ggttagactg gtggagtcag gaggggggct tgtgaagccc 480

ggtgggtctc tccgcctgag ctgttctgcc tccggctttg atttcgataa cgcctggatg 540

acctgggtca ggcagcctcc aggtaaggga ctggagtggg tgggaagaat cacaggtcca 600

ggcgagggct ggtccgtgga ctacgcggaa tctgttaaag ggcggtttac aatctcaagg 660

gacaatacca agaatacctt gtatttggag atgaacaacg tgagaactga agacaccgga 720

tattacttct gtgccagaac aggcaaatac tacgacttct ggtggggcta tccccctggc 780

gaggaatatt ttcaagactg gggtcaggga acccttgtta tcgtgtcctc cgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

ggggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgatgc atgaggctct gcacaaccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 48

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 48

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60

acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120

caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180

ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240

gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300

ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgac aaaacccata ccgacttcgt gctgacccag 360

agccctcaca gcctgagcgt gacacctggc gagagcgcca gcatcagctg caagagcagc 420

cactccctga tccacggcga ccggaacaac tacctggctt ggtacgtgca gaagcccggc 480

agatcccccc agctgctgat ctacctggcc agcagcagag ccagcggcgt gcccgataga 540

ttttctggca gcggcagcga caaggacttc accctgaaga tcagccgggt ggaaaccgag 600

gacgtgggca cctactactg tatgcagggc agagagagcc cctggacctt tggccagggc 660

accaaggtgg acatcaagga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 49

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 49

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
20 25 30

Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
65 70 75 80

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
100 105 110

Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala

130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350

Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365

Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385 390 395 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445

Pro Gly
450

<210> 50
<211> 210
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 50
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
20 25 30
Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
35 40 45

Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
50 55 60
Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
65 70 75 80
Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
85 90 95
Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 51

<211> 612

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 51

Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser

20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu

65 70 75 80

Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

```
Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu
            100                 105                 110
Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val
        115                 120                 125
Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser
    130                 135                 140

Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys
145                 150                 155                 160
Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser
                165                 170                 175
Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly
            180                 185                 190
Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp
        195                 200                 205

Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr
    210                 215                 220
Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg
225                 230                 235                 240
Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala
                245                 250                 255
Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr
            260                 265                 270

Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly
        275                 280                 285
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    290                 295                 300
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
305                 310                 315                 320
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                325                 330                 335

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
```

340 345 350

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

355 360 365

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys

370 375 380

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu

385 390 395 400

Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

405 410 415

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

420 425 430

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

435 440 445

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

450 455 460

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

465 470 475 480

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

485 490 495

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

500 505 510

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln

515 520 525

Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

530 535 540

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

545 550 555 560

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

565 570 575

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

580 585 590

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
595 600 605

Leu Ser Pro Gly
610

<210> 52

<211> 334

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 52

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala
115 120 125

Arg Ile Ser Cys Gly Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp
130 135 140

Tyr Gln His Arg Ala Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn
145 150 155 160

Gln Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp

165 170 175

Ser Pro Phe Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala

180 185 190

Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro

195 200 205

Thr Lys Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys

210 215 220

Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro

225 230 235 240

Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu

245 250 255

Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn

260 265 270

Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser

275 280 285

Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala

290 295 300

Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly

305 310 315 320

Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 53

<211> 1350

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 53

caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 660

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgcccccga actgctggga 720

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1080

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccccc 1200

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1320

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1350

<210> 54

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223

> Synthetic Construct

<400> 54

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 55

<211> 1836

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 55

cagatgcagc tgcaggagag cggccctgga ctcgtgaagc ccagcgagac cctgagcctg 60

acatgcagcg tgagcggcgc cagcatcagc gacagctact ggagctggat caggaggagc 120

cctggcaagg gcctggagtg gatcggctac gtgcacaaga gcggcgacac caactacagc 180

ccctccctga agtccagggt gaacctgtcc ctggacacca gcaagaacca ggtgagcctg 240

tccctggtgg ctgccacagc tgctgacagc ggcaagtact actgtgccag gaccctgcac 300

ggcaggagga tctacggcat cgtggccttc aacgagtggt tcacctactt ctacatggac 360

gtgtggggca acggcaccca ggtgaccgtg agctccgaca aaacccatac ccaggtgcac 420

ctgacacaga gcggacccga agtgcggaag cctggcacct ctgtgaaggt gtcctgcaag 480

gcccctggca acaccctgaa aacctacgac ctgcactggg tgcgcagcgt gccaggacag 540

ggactgcagt ggatgggctg gatcagccac gagggcgaca agaaagtgat cgtggaacgg 600

ttcaaggcca aagtgaccat cgactgggac agaagcacca acaccgccta cctgcagctg 660

agcggcctga cctctggcga taccgccgtg tactactgcg ccaagggcag caagcaccgg 720

ctgagagact acgccctgta cgacgatgac ggcgccctga actgggccgt ggatgtggac 780

tacctgagca acctggaatt ctggggccag ggcacagccg tgaccgtgtc atctgataag 840

acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 900

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 960

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 1020

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 1080

acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1140

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 1200

ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 1260

cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 1320

ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 1380

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 1440

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1500

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc 1560

cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1620

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1680

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctact caaaactcac cgtggacaag 1740

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1800

cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggt 1836

<210> 56

<211> 1002

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 56

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac ctccgacatc 360

agcgtggccc ccggagagac agccaggatc tcctgcggcg agaagagcct gggaagcagg 420

gctgtgcagt ggtaccaaca cagggccgga caggctccca gcctgatcat ctacaacaac 480

caggacaggc ccagcggcat ccctgagagg ttcagcggaa gccccgacag ccccttcgga 540

accacagcca ccctgaccat cacaagcgtg gaagccggcg acgaggccga ctactactgc 600

cacatctggg acagcagggt gcccaccaag tgggtgtttg gcggcggcac caccctgacc 660

gtgctggata agacccatac ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780

ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 57

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 57

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro

115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr

145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
420 425 430
Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445
Ser Pro Gly
450

<210> 58
<211> 210
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 58
Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
20 25 30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 59

<211> 615

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 59

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly

130 135 140

Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala

145 150 155 160

Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala

165 170 175

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile

180 185 190

Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg

195 200 205

Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro

210 215 220

Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu

225 230 235 240

Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro

245 250 255

Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly

260 265 270

Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser

275 280 285

Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr

290 295 300

Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val

325 330 335

His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser

340 345 350

Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile

355 360 365

Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val

370 375 380

Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala

385 390 395 400

Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro

405 410 415

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val

420 425 430

Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val

435 440 445

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

450 455 460

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

465 470 475 480

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala

485 490 495

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro

500 505 510

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr

515 520 525

Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

530 535 540

Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr

545 550 555 560

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr

565 570 575

Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe

580 585 590

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys

595 600 605

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

610 615

<210> 60

<211> 337

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 60

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu
85 90 95

Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu Asp
100 105 110

Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val
115 120 125

Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg
130 135 140

Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val
145 150 155 160

Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg
165 170 175

Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly
180 185 190

Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys

195 200 205

Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val

210 215 220

Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile

225 230 235 240

Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val

245 250 255

Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys

260 265 270

Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu

275 280 285

Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu

290 295 300

Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr

305 310 315 320

His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu

325 330 335

Cys

<210> 61

<211> 1356

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 61

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc agcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

<210> 62

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 62

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 63

<211> 1845

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 63

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtggggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcagttg 420

gtggagtctg ggggaggcgt ggtccagcct gggacgtccc tgagactctc ctgtgcagcc 480

tctcaattca ggtttgatgg ttatggcatg cactgggtcc gccaggcccc aggcaagggg 540

ctggagtggg tggcatctat atcacatgat ggaattaaaa agtatcacgc agaaaaagtg 600

tggggccgct tcaccatctc cagagacaat tccaagaaca cactgtatct acaaatgaac 660

agcctgcgac ctgaggacac ggctctctac tactgtgcga aagatttgcg agaagacgaa 720

tgtgaagagt ggtggtcgga ttattacgat tttgggaaac aactcccttg cgcaaagtca 780

cgcggcggct tggttggaat tgctgataac tggggccaag ggacaatggt caccgtctct 840

tcagataaga cccacaccgc ttccaccaag ggcccatcgg tcttcccccct ggcaccctcc 900

tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 960

gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 1020

gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 1080

agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 1140

gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 1200

cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 1260

atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 1320

gaggtcaagt tcaactggta tgttgacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 1380

cgggaggagc agtacaacag cacgtaccgt gtggtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 1440

gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1500

atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1560

cccccatgcc gggatgagct gaccaagaat caagtcagcc tgtggtgcct ggtaaaaggc 1620

ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1680

aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctactc aaaactcacc 1740

gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1800

ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggt 1845

<210> 64

<211> 1011

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223

> Synthetic Construct

<400> 64

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaaacacctc caacattggc aataattttg tgtcctggta tcaacagcgc 120

cccggcagag ccccccaact cctcatttat gaaactgaca agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcttccaa gtctggtacg tcaggcaccc tggccatcac cgggctgcag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgcc acatgggctg ccagcctgag ttccgcgcgt 300

gtcttcggaa ctgggaccaa ggtcatcgtc ctggacaaaa cccataccgc atccgaactg 360

actcaggacc ctgccgtctc tgtggcactg aagcagactg tgactattac ttgccgaggc 420

gactcactgc ggagccacta cgcttcctgg tatcagaaga aacccggcca ggcacctgtg 480

ctgctgttct acggaaagaa caataggcca tctggcatcc ccgaccgctt ttctggcagt 540

gcatcaggga accgagccag tctgaccatt accggcgccc aggctgagga cgaagccgat 600

tactattgca gctcccggga taagagcggc tccagactga gcgtgttcgg aggaggaact 660

aaactgaccg tcctcgataa gacccatacc cgtacggtgg ccgctcccag cgtgttcatc 720

ttcccaccta gcgacgagca gctgaagtcc ggcacagcct ctgtcgtgtg cctgctgaac 780

aacttctacc cccgcgaggc caaagtgcag tggaaggtgg acaacgccct gcagagcggc 840

aacagccagg aaagcgtgac cgagcaggac agcaaggact ccacctacag cctgagcagc 900

accctgacac tgagcaaggc cgactacgag aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc 960

caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag agcttcaacc ggggcgagtg t 1011

<210> 65

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 65

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
20 25 30

Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
65 70 75 80

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
100 105 110

Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala

165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His

195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys

210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly

225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met

245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His

260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val

275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr

290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly

305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile

325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val

340 345 350

Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser

355 360 365

Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu

370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val

405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445
Pro Gly
450

<210> 66
<211> 210
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 66

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
20 25 30
Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
35 40 45
Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
50 55 60
Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
65 70 75 80

Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
85 90 95
Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 67

<211> 615

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 67

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
130 135 140
Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala
145 150 155 160
Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala
165 170 175

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile
180 185 190
Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg
195 200 205
Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro
210 215 220
Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu
225 230 235 240

Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro
245 250 255
Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly
260 265 270
Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
275 280 285
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
290 295 300

Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
325 330 335
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
340 345 350
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
355 360 365

Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val

370 375 380

Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala

385 390 395 400

Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro

405 410 415

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val

420 425 430

Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val

435 440 445

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

450 455 460

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

465 470 475 480

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala

485 490 495

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro

500 505 510

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr

515 520 525

Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

530 535 540

Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr

545 550 555 560

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr

565 570 575

Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe

580 585 590

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys

595 600 605

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

610 615

<210> 68

<211> 337

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 68

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu
85 90 95

Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu Asp
100 105 110

Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val
115 120 125

Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg
130 135 140

Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val
145 150 155 160

Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg
165 170 175

Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly
180 185 190

Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys

195 200 205

Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val

210 215 220

Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile

225 230 235 240

Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val

245 250 255

Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys

260 265 270

Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu

275 280 285

Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu

290 295 300

Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr

305 310 315 320

His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu

325 330 335

Cys

<210> 69

<211> 1350

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 69

caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 660

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgccccga actgctggga 720

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1080

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccct 1200

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1320

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1350

<210> 70

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 70

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 71

<211> 1845

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 71

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtggggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcagttg 420

gtggagtctg ggggaggcgt ggtccagcct gggacgtccc tgagactctc ctgtgcagcc 480

tctcaattca ggtttgatgg ttatggcatg cactgggtcc gccaggcccc aggcaagggg 540

ctggagtggg tggcatctat atcacatgat ggaattaaaa agtatcacgc agaaaaagtg 600

tggggccgct tcaccatctc cagagacaat tccaagaaca cactgtatct acaaatgaac 660

agcctgcgac ctgaggacac ggctctctac tactgtgcga aagatttgcg agaagacgaa 720

tgtgaagagt ggtggtcgga ttattacgat tttgggaaac aactcccttg cgcaaagtca 780

cgcggcggct tggttggaat tgctgataac tggggccaag ggacaatggt caccgtctct 840

tcagataaga cccacaccgc ttccaccaag ggcccatcgg tcttcccccct ggcaccctcc 900

tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 960

gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 1020

gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 1080

agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 1140

gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 1200

cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 1260

atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 1320

gaggtcaagt tcaactggta tgttgacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 1380

cgggaggagc agtacaacag cacgtaccgt gtggtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 1440

gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1500

atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1560

cccccatgcc gggatgagct gaccaagaat caagtcagcc tgtggtgcct ggtaaaaggc 1620

ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1680

aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctactc aaaactcacc 1740

gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1800

ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggt 1845

<210> 72

<211> 1011

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 72

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaaacacctc caacattggc aataattttg tgtcctggta tcaacagcgc 120

cccggcagag ccccccaact cctcatttat gaaactgaca agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcttccaa gtctggtacg tcaggcaccc tggccatcac cgggctgcag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgcc acatgggctg ccagcctgag ttccgcgcgt 300

gtcttcggaa ctgggaccaa ggtcatcgtc ctggacaaaa cccataccgc atccgaactg 360

actcaggacc ctgccgtctc tgtggcactg aagcagactg tgactattac ttgccgaggc 420

gactcactgc ggagccacta cgcttcctgg tatcagaaga aacccggcca ggcacctgtg 480

ctgctgttct acggaaagaa caataggcca tctggcatcc ccgaccgctt ttctggcagt 540

gcatcaggga accgagccag tctgaccatt accggcgccc aggctgagga cgaagccgat 600

tactattgca gctcccggga taagagcggc tccagactga gcgtgttcgg aggaggaact 660

aaactgaccg tcctcgataa gacccatacc cgtacggtgg ccgctcccag cgtgttcatc 720

ttcccaccta gcgacgagca gctgaagtcc ggcacagcct ctgtcgtgtg cctgctgaac 780

aacttctacc cccgcgaggc caaagtgcag tggaaggtgg acaacgccct gcagagcggc 840

aacagccagg aaagcgtgac cgagcaggac agcaaggact ccacctacag cctgagcagc 900

accctgacac tgagcaaggc cgactacgag aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc 960

caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag agcttcaacc ggggcgagtg t 1011

<210> 73

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 73

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys

20 25 30

Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe

65 70 75 80

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly

100 105 110

Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala

130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val

145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala

165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His

195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys

210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly

225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met

245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His

260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val

275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr

290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly

305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile

325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val

340 345 350

Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser

355 360 365

Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu

370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val

405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met

420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser

435 440 445

Pro Gly

450

<210> 74

<211> 210

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 74

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala

20 25 30

Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser

35 40 45

Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg

50 55 60

Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp

65 70 75 80

Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr

85 90 95

Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 75

<211> 615

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 75

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val

50 55 60

Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr

100 105 110

Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu

115 120 125

Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser

130 135 140

Ser Asp Lys Thr His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly

145 150 155 160

Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly

165 170 175

Phe Asp Phe Asp Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly

180 185 190

Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp

195 200 205

Ser Val Asp Tyr Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg

210 215 220

Asp Asn Thr Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr

225 230 235 240

Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp

245 250 255

Phe Trp Trp Gly Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly

260 265 270

Gln Gly Thr Leu Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser

275 280 285

Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr

290 295 300

Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val

325 330 335

His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser

340 345 350

Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile

355 360 365

Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val

370 375 380

Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala

385 390 395 400

Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro

405 410 415

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val

420 425 430

Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val

435 440 445

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

450 455 460

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

465 470 475 480

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala

485 490 495

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro

500 505 510

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr

515 520 525

Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

530 535 540

Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr

545 550 555 560

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr

565 570 575

Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe

580 585 590

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys

595 600 605

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

610 615

<210> 76

<211> 337

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 76

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
1 5 10 15

Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
35 40 45

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
85 90 95

Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr
100 105 110

His Thr Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro
115 120 125

Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly
130 135 140

Asn Asn Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln
145 150 155 160

Leu Leu Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg
165 170 175

Phe Ser Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly
180 185 190

Leu Gln Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala
195 200 205

Ser Leu Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val

210 215 220

Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile

225 230 235 240

Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val

245 250 255

Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys

260 265 270

Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu

275 280 285

Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu

290 295 300

Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr

305 310 315 320

His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu

325 330 335

Cys

<210> 77

<211> 1350

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 77

caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 660

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccccttgtc ctgcccccga actgctggga 720

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1080

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccccct 1200

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1320

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1350

<210> 78

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223

> Synthetic Construct

<400> 78

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 79

<211> 1845

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 79

caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggacgtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctcaatt caggtttgat ggttatggca tgcactgggt ccgccaggcc 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcatct atatcacatg atggaattaa aaagtatcac 180

gcagaaaaag tgtggggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacactgtat 240

ctacaaatga acagcctgcg acctgaggac acggctctct actactgtgc gaaagatttg 300

cgagaagacg aatgtgaaga gtggtggtcg gattattacg attttgggaa acaactccct 360

tgcgcaaagt cacgcggcgg cttggttgga attgctgata actggggcca agggacaatg 420

gtcaccgtct cttcagacaa aacccatacc gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg 480

cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg agctgttctg cctccggctt tgatttcgat 540

aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga 600

atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt 660

acaatctcaa gggacaatac caagaatacc ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact 720

gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga acaggcaaat actacgactt ctggtccggc 780

tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc 840

tccgataaga cccacaccgc ttccaccaag ggcccatcgg tcttcccccct ggcaccctcc 900

tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 960

gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 1020

gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 1080

agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 1140

gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 1200

cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 1260

atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 1320

gaggtcaagt tcaactggta tgttgacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 1380

cgggaggagc agtacaacag cacgtaccgt gtggtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 1440

gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1500

atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1560

ccccccatgcc gggatgagct gaccaagaat caagtcagcc tgtggtgcct ggtaaaaggc 1620

ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1680

aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctactc aaaactcacc 1740

gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1800

ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggt 1845

<210> 80

<211> 1011

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 80

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60

acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120

caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180

ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240

gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300

ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgac aaaacccata cccagtctgt gctgacgcag 360

ccgccctcag tgtctgcggc cccaggacag aaggtcacca tctcctgctc tggaaacacc 420

tccaacattg gcaataattt tgtgtcctgg tatcaacagc gccccggcag agcccccaa 480

ctcctcattt atgaaactga caagcgaccc tcagggattc ctgaccgatt ctctgcttcc 540

aagtctggta cgtcaggcac cctggccatc accgggctgc agactgggga cgaggccgat 600

tattactgcg ccacatgggc tgccagcctg agttccgcgc gtgtcttcgg aactgggacc 660

aaggtcatcg tcctggataa gacccatacc cgtacggtgg ccgctcccag cgtgttcatc 720

ttcccaccta gcgacgagca gctgaagtcc ggcacagcct ctgtcgtgtg cctgctgaac 780

aacttctacc cccgcgaggc caaagtgcag tggaaggtgg acaacgccct gcagagcggc 840

aacagccagg aaagcgtgac cgagcaggac agcaaggact ccacctacag cctgagcagc 900

accctgacac tgagcaaggc cgactacgag aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc 960

caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag agcttcaacc ggggcgagtg t 1011

<210> 81

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 81

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro

115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 82

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 82

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 83

<211> 611

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 83

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly

130 135 140

Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
145 150 155 160
Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
165 170 175
Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
180 185 190
Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp

195 200 205

Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
210 215 220
Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
225 230 235 240
Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val
245 250 255
Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala

260 265 270

Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
275 280 285
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
290 295 300
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

325 330 335

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
340 345 350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
355 360 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

370 375 380

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

385 390 395 400

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

405 410 415

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

420 425 430

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

435 440 445

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

450 455 460

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

465 470 475 480

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

485 490 495

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

500 505 510

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

515 520 525

Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

530 535 540

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 84

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 84

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105 110
Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
115 120 125
Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
130 135 140
Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro

145 150 155 160
Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
165 170 175
Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
180 185 190
Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp

195 200 205

Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

210 215 220

Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

260 265 270

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

275 280 285

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

325 330 335

Glu Cys

<210> 85

<211> 1356

<212

> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 85

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

<210> 86

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 86

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 87

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 87

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtggggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420

acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480

cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga 540

ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600

aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660

ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720

agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780

ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagcccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgatgc atgaggctct gcacaaccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 88

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 88

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgcatccgaa 360

ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420

ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggtatcaga agaaacccgg ccaggcacct 480

gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540

agtgcatcag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600

gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660

actaaactga ccgtcctcga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 89

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 89

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195 200 205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210 215 220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225 230 235 240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
245 250 255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
260 265 270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
290 295 300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305 310 315 320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
325 330 335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350
Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
355 360 365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
370 375 380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385 390 395 400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 90

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 90

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205
Glu Cys
210

<210> 91
<211> 602
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 91
Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
20 25 30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
85 90 95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro

100 105 110
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly

130 135 140

Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val

145 150 155 160

Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser

165 170 175

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp

180 185 190

Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp

195 200 205

Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala

210 215 220

Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile

225 230 235 240

Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp

245 250 255

Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His

260 265 270

Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser

275 280 285

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp

290 295 300

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

305 310 315 320

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

325 330 335

Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln

340 345 350

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

355 360 365

Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
370 375 380
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
385 390 395 400
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
405 410 415
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn

420 425 430
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
435 440 445
Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
450 455 460
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
465 470 475 480
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

485 490 495
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
500 505 510
Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
515 520 525
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
530 535 540
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

545 550 555 560
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
565 570 575
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
580 585 590
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
595 600

<210> 92

<211> 331

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 92

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
1 5 10 15

Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
20 25 30

Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
35 40 45

Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
50 55 60

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
65 70 75 80

Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
85 90 95

Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
100 105 110

Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val
115 120 125

Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp
130 135 140

Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys
145 150 155 160

Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser
165 170 175

Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu
180 185 190

Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser
195 200 205

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr
210 215 220
Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
225 230 235 240
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
245 250 255

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
260 265 270
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
275 280 285
Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
290 295 300
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
305 310 315 320

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
325 330

<210> 93
<211> 1356
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 93
agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240
atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

accccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc agcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

<210> 94

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 94

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 95

<211> 1806

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 95

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtggggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca gatgcagctg 420

caggagagcg gccctggact cgtgaagccc agcgagaccc tgagcctgac atgcagcgtg 480

agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg agctggatca ggaggagccc tggcaagggc 540

ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc ggcgacacca actacagccc ctccctgaag 600

tccagggtga acctgtccct ggacaccagc aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct 660

gccacagctg ctgacagcgg caagtactac tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc 720

tacggcatcg tggccttcaa cgagtggttc acctacttct acatggacgt gtggggcaac 780

ggcacccagg tgaccgtgag ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840

gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900

ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960

agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtcctcag gactctactc cctcagcagc 1020

gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080

aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140

acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200

ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260

gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg 1320

cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380

gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440

aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500

gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc 1560

ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620

gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680

ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740

tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800

ccgggt 1806

<210> 96

<211> 993

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 96

tccgacatca gcgtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60

ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120

tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcggaag ccccgacagc 180

cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240

tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt gggtgtttgg cggcggcacc 300

accctgaccg tgctggacaa aacccatacc gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc 360

tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgccgag gcgactcact gcggagccac 420

tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag 480

aacaataggc catctggcat ccccgaccgc ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540

agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600

gataagagcg gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660

aagacccata cccgtacggt ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720

cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag 780

gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840

accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900

gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960

cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag tgt 993

<210> 97

<211> 470

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 97

```
Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1               5                  10                  15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
            20                  25                  30
Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
    50                  55                  60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
            100                 105                 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
        115                 120                 125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
    130                 135                 140

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
145                 150                 155                 160
Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
                165                 170                 175
Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
            180                 185                 190
Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
```

195 200 205

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys
210 215 220
Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu
225 230 235 240
Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
245 250 255
Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
260 265 270

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
275 280 285
Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
290 295 300
Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
305 310 315 320
Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
325 330 335

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
340 345 350
Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
355 360 365
Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
370 375 380
Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
385 390 395 400

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
405 410 415
Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
420 425 430
Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
435 440 445

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
450 455 460

Leu Ser Leu Ser Pro Gly
465 470

<210> 98
<211> 219
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 98

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105 110

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
115 120 125
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
130 135 140
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
145 150 155 160
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

165 170 175

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
180 185 190
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
195 200 205
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 99
<211> 602
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 99

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
20 25 30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
85 90 95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro
100 105 110
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
115 120 125
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly

130 135 140

Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val

145 150 155 160

Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser

165 170 175

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp

180 185 190

Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp

195 200 205

Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala

210 215 220

Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile

225 230 235 240

Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp

245 250 255

Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His

260 265 270

Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser

275 280 285

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp

290 295 300

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

305 310 315 320

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

325 330 335

Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln

340 345 350

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

355 360 365

Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro

370 375 380

Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

385 390 395 400

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

405 410 415

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn

420 425 430

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

435 440 445

Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

450 455 460

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

465 470 475 480

Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

485 490 495

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp

500 505 510

Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe

515 520 525

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

530 535 540

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

545 550 555 560

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly

565 570 575

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

580 585 590

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

595 600

<210> 100

<211> 331

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 100

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
1 5 10 15

Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
20 25 30

Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
35 40 45

Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
50 55 60

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
65 70 75 80

Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
85 90 95

Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
100 105 110

Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val
115 120 125

Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp
130 135 140

Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys
145 150 155 160

Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser
165 170 175

Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu
180 185 190

Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser
195 200 205

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr

210 215 220

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
225 230 235 240
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
245 250 255
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
260 265 270
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
275 280 285

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
290 295 300
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
305 310 315 320
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
325 330

<210> 101
<211> 1413
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 101
caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300
aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360
gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420
tctgcttcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 480
ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 540

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 600

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 660

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 720

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt cccccttgtc ctgcccccga actgctggga 780

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 840

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 900

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 960

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1020

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1080

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1140

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1200

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccccc 1260

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1320

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1380

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc aag 1413

<210

> 102

<211> 657

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 102

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgta cggtggccgc tcccagcgtg 360

ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420

ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480

agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540

agcagcaccc tgacactgag caaggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa 600

gtgacccacc agggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657

<210> 103

<211> 1806

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 103

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtggggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca gatgcagctg 420

caggagagcg gccctggact cgtgaagccc agcgagaccc tgagcctgac atgcagcgtg 480

agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg agctggatca ggaggagccc tggcaagggc 540

ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc ggcgacacca actacagccc ctccctgaag 600

tccagggtga acctgtccct ggacaccagc aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct 660

gccacagctg ctgacagcgg caagtactac tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc 720

tacggcatcg tggccttcaa cgagtggttc acctacttct acatggacgt gtggggcaac 780

ggcacccagg tgaccgtgag ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840

gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900

ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960

agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtcctcag gactctactc cctcagcagc 1020

gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080

aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140

acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200

ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260

gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg 1320

cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380

gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440

aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500

gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc 1560

ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620

gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680

ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740

tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800

ccgggt 1806

<210> 104

<211> 993

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223

> Synthetic Construct

<400> 104

tccgacatca gcgtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60

ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120

tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcggaag ccccgacagc 180

cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240

tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt gggtgtttgg cggcggcacc 300

accctgaccg tgctggacaa aacccatacc gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc 360

tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgccgag gcgactcact gcggagccac 420

tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag 480

aacaataggc catctggcat ccccgaccgc ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540

agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600

gataagagcg gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660

aagacccata cccgtacggt ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720

cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag 780

gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840

accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900

gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960

cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag tgt 993

<210> 105

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 105

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 106

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 106

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 107

<211> 611

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 107

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr

20 25 30

Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe

50 55 60

Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp

100 105 110

Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu

115 120 125

Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr

130 135 140

His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro

145 150 155 160

Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp
165 170 175

Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
180 185 190
Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr
195 200 205
Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys
210 215 220
Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly
225 230 235 240

Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly
245 250 255
Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu
260 265 270
Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
275 280 285
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
290 295 300

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
325 330 335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
340 345 350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
355 360 365

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
370 375 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
385 390 395 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

405 410 415

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

420 425 430

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

435 440 445

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

450 455 460

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

465 470 475 480

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

485 490 495

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

500 505 510

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

515 520 525

Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

530 535 540

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 108

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 108

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
1 5 10 15

Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
35 40 45

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
85 90 95

Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr
100 105 110

His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr
115 120 125

Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile
130 135 140

His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly
145 150 155 160

Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly
165 170 175

Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu
180 185 190

Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met
195 200 205

Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp
210 215 220

Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

260 265 270

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

275 280 285

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

325 330 335

Glu Cys

<210> 109

<211> 1356

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 109

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc agcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

<210> 110

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 110

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 111

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 111

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgacaaaa cccataccga ggttagactg gtggagtcag gaggggggct tgtgaagccc 480

ggtgggtctc tccgcctgag ctgttctgcc tccggctttg atttcgataa cgcctggatg 540

acctgggtca ggcagcctcc aggtaaggga ctggagtggg tgggaagaat cacaggtcca 600

ggcgagggct ggtccgtgga ctacgcggaa tctgttaaag ggcggtttac aatctcaagg 660

gacaatacca agaatacctt gtatttggag atgaacaacg tgagaactga agacaccgga 720

tattacttct gtgccagaac aggcaaatac tacgacttct ggtggggcta tccccctggc 780

gaggaatatt ttcaagactg gggtcaggga acccttgtta tcgtgtcctc cgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgatgc atgaggctct gcacaaccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 112

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 112

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60

acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120

caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180

ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240

gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300

ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgac aaaacccata ccgacttcgt gctgacccag 360

agccctcaca gcctgagcgt gacacctggc gagagcgcca gcatcagctg caagagcagc 420

cactccctga tccacggcga ccggaacaac tacctggctt ggtacgtgca gaagcccggc 480

agatcccccc agctgctgat ctacctggcc agcagcagag ccagcggcgt gcccgataga 540

ttttctggca gcggcagcga caaggacttc accctgaaga tcagccgggt ggaaaccgag 600

gacgtgggca cctactactg tatgcagggc agagagagcc cctggacctt tggccagggc 660

accaaggtgg acatcaagga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 113

<211> 470

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 113

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
20 25 30

Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
50 55 60

Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110

Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125

Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
130 135 140

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
145 150 155 160

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
165 170 175

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
180 185 190

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
195 200 205

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys
210 215 220
Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu
225 230 235 240
Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
245 250 255
Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
260 265 270

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
275 280 285
Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
290 295 300
Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
305 310 315 320
Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
325 330 335

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
340 345 350
Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
355 360 365
Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
370 375 380
Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
385 390 395 400

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
405 410 415
Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
420 425 430
Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
435 440 445
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser

450 455 460

Leu Ser Leu Ser Pro Gly
465 470

<210> 114
<211> 219
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 114

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105 110

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
115 120 125

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
130 135 140

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
145 150 155 160

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

165 170 175

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
180 185 190
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
195 200 205
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 115
<211> 602
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 115

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
20 25 30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
85 90 95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
100 105 110
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
115 120 125
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly

130 135 140

Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val

145 150 155 160

Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser

165 170 175

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp

180 185 190

Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp

195 200 205

Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala

210 215 220

Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile

225 230 235 240

Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp

245 250 255

Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His

260 265 270

Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser

275 280 285

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp

290 295 300

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

305 310 315 320

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

325 330 335

Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln

340 345 350

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

355 360 365

Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro

370 375 380

Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

385 390 395 400

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

405 410 415

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn

420 425 430

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

435 440 445

Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

450 455 460

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

465 470 475 480

Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

485 490 495

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp

500 505 510

Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe

515 520 525

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

530 535 540

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

545 550 555 560

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly

565 570 575

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

580 585 590

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

595 600

<210> 116

<211> 331

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 116

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
1 5 10 15

Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
20 25 30

Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
35 40 45

Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
50 55 60

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
65 70 75 80

Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
85 90 95

Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
100 105 110

Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val
115 120 125

Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp
130 135 140

Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys
145 150 155 160

Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser
165 170 175

Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu
180 185 190

Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser
195 200 205

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr

210 215 220

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
225 230 235 240
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
245 250 255
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
260 265 270
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
275 280 285

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
290 295 300
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
305 310 315 320
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
325 330

<210> 117
<211> 1413
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 117
caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300
aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360
gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420
tctgcttcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 480
ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 540

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 600

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 660

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 720

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccccttgtc ctgcccccga actgctggga 780

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 840

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 900

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 960

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1020

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1080

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1140

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1200

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccccct 1260

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1320

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1380

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc aag 1413

<210

> 118

<211> 657

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 118

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgta cggtggccgc tcccagcgtg 360

ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420

ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480

agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540

agcagcaccc tgacactgag caaggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa 600

gtgacccacc agggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657

<210> 119

<211> 1806

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 119

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca gatgcagctg 420

caggagagcg gccctggact cgtgaagccc agcgagaccc tgagcctgac atgcagcgtg 480

agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg agctggatca ggaggagccc tggcaagggc 540

ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc ggcgacacca actacagccc ctccctgaag 600

tccagggtga acctgtccct ggacaccagc aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct 660

gccacagctg ctgacagcgg caagtactac tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc 720

tacggcatcg tggccttcaa cgagtggttc acctacttct acatggacgt gtggggcaac 780

ggcacccagg tgaccgtgag ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840

gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900

ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960

agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtcctcag gactctactc cctcagcagc 1020

gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080

aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140

acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200

ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260

gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg 1320

cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380

gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440

aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500

gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc 1560

ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620

gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680

ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740

tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800

ccgggt 1806

<210> 120

<211> 993

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223

> Synthetic Construct

<400> 120

tccgacatca gcgtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60

ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120

tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcggaag ccccgacagc 180

cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240

tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt gggtgtttgg cggcggcacc 300

accctgaccg tgctggacaa aacccatacc gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc 360

tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgccgag gcgactcact gcggagccac 420

tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag 480

aacaataggc catctggcat ccccgaccgc ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540

agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600

gataagagcg gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660

aagacccata cccgtacggt ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720

cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag 780

gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840

accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900

gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960

cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag tgt 993

<210> 121

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 121

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 122

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 122

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 123

<211> 602

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 123

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly

130 135 140

Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val

145 150 155 160

Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser
165 170 175

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp
180 185 190
Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp
195 200 205
Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala
210 215 220
Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile
225 230 235 240

Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp
245 250 255
Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His
260 265 270
Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
275 280 285
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
290 295 300

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
305 310 315 320
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
325 330 335
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
340 345 350
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
355 360 365

Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
370 375 380
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
385 390 395 400
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

405 410 415

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn

420 425 430

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

435 440 445

Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

450 455 460

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

465 470 475 480

Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

485 490 495

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp

500 505 510

Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe

515 520 525

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

530 535 540

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

545 550 555 560

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly

565 570 575

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

580 585 590

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

595 600

<210> 124

<211> 331

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 124

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly

1 5 10 15

Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala

20 25 30

Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser

35 40 45

Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr

50 55 60

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp

65 70 75 80

Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe

85 90 95

Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Ala Ser

100 105 110

Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val

115 120 125

Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp

130 135 140

Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys

145 150 155 160

Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser

165 170 175

Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu

180 185 190

Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser

195 200 205

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr

210 215 220

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

225 230 235 240

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe

245 250 255

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln

260 265 270

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

275 280 285

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

290 295 300

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

305 310 315 320

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 125

<211> 1356

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 125

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

accccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc agcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

<210> 126
<211> 630
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 126
tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180
agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 127
<211> 1806
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 127

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca gatgcagctg 420

caggagagcg gccctggact cgtgaagccc agcgagaccc tgagcctgac atgcagcgtg 480

agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg agctggatca ggaggagccc tggcaagggc 540

ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc ggcgacacca actacagccc ctccctgaag 600

tccagggtga acctgtccct ggacaccagc aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct 660

gccacagctg ctgacagcgg caagtactac tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc 720

tacggcatcg tggccttcaa cgagtggttc acctacttct acatggacgt gtggggcaac 780

ggcacccagg tgaccgtgag ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840

gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900

ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960

agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtcctcag gactctactc cctcagcagc 1020

gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080

aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140

acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200

ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260

gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg 1320

cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380

gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440

aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500

gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc 1560

ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620

gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680

ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740

tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800

ccgggt 1806

<210> 128

<211> 993

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 128

tccgacatca gcgtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60

ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120

tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcggaag ccccgacagc 180

cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240

tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt gggtgtttgg cggcggcacc 300

accctgaccg tgctggacaa aacccatacc gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc 360

tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgccgag gcgactcact gcggagccac 420

tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag 480

aacaataggc catctggcat ccccgaccgc ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540

agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600

gataagagcg gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660

aagacccata cccgtacggt ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720

cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag 780

gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840

accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900

gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960

cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag tgt 993

<210> 129

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 129

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 130

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 130

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 131

<211> 612

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 131

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
20 25 30

Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
50 55 60

Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110

Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125

Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
130 135 140

His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro
145 150 155 160

Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser
165 170 175

Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu
180 185 190

Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser
195 200 205
Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val
210 215 220
Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr

225 230 235 240
Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe
245 250 255
Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr
260 265 270
Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly
275 280 285
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly

290 295 300
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
305 310 315 320
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
325 330 335
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
340 345 350
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

355 360 365
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
370 375 380
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
385 390 395 400
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
405 410 415
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

420 425 430
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

435 440 445

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

450 455 460

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

465 470 475 480

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

485 490 495

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

500 505 510

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln

515 520 525

Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

530 535 540

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

545 550 555 560

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

565 570 575

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

580 585 590

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

595 600 605

Leu Ser Pro Gly

610

<210> 132

<211> 334

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 132

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly

1 5 10 15

Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
20 25 30
Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
35 40 45
Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr

50 55 60
Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
65 70 75 80
Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
85 90 95
Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Asp Phe
100 105 110
Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser

115 120 125
Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg
130 135 140
Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln
145 150 155 160
Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg
165 170 175
Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg

180 185 190
Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu
195 200 205
Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Asp Lys
210 215 220
Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
225 230 235 240
Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu

245 250 255
Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn

260 265 270

Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser

275 280 285

Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala

290 295 300

Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly

305 310 315 320

Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 133

<211> 1356

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 133

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc agcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

<210> 134

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 134

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 135

<211> 1836

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 135

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgacaaaa cccataccca gatgcagctg caggagagcg gccctggact cgtgaagccc 480

agcgagaccc tgagcctgac atgcagcgtg agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg 540

agctggatca ggaggagccc tggcaagggc ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc 600

ggcgacacca actacagccc ctccctgaag tccagggtga acctgtccct ggacaccagc 660

aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct gccacagctg ctgacagcgg caagtactac 720

tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc tacggcatcg tggccttcaa cgagtggttc 780

acctacttct acatggacgt gtggggcaac ggcacccagg tgaccgtgag ctccgataag 840

acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 900

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 960

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 1020

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 1080

acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1140

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 1200

ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 1260

cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 1320

ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 1380

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 1440

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1500

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc 1560

cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1620

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1680

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctact caaaactcac cgtggacaag 1740

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1800

cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggt 1836

<210> 136

<211> 1002

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 136

tccgacatca gcgtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60

ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120

tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcggaag ccccgacagc 180

cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240

tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt gggtgtttgg cggcggcacc 300

accctgaccg tgctggacaa aacccatacc gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc 360

ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc atcagctgca agagcagcca ctccctgatc 420

cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg tacgtgcaga agcccggcag atcccccccag 480

ctgctgatct acctggccag cagcagagcc agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc 540

ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc 600

tactactgta tgcagggcag agagagcccc tggacctttg gccagggcac caaggtggac 660

atcaaggata agacccatac ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780

ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 137

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 137

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
210 215 220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225 230 235 240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
275 280 285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
290 295 300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305 310 315 320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
340 345 350
Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
355 360 365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
370 375 380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
405 410 415
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
420 425 430
Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
435 440 445
Ser Pro Gly
450

<210> 138
<211> 210
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 138

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
20 25 30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
195 200 205
Glu Cys
210

<210> 139

<211> 602

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 139

Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys
50 55 60

Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80

Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95

Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu
100 105 110

Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val
115 120 125

Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser
130 135 140

Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser
145 150 155 160

Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln
165 170 175

Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly
180 185 190

Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr
195 200 205

Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn
210 215 220

Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys
225 230 235 240
Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln
245 250 255
Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His
260 265 270
Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
275 280 285

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
290 295 300
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
305 310 315 320
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
325 330 335
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
340 345 350

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
355 360 365
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
370 375 380
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
385 390 395 400
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
405 410 415

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
420 425 430
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
435 440 445
Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

450 455 460

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
465 470 475 480

Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
485 490 495

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
500 505 510

Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
515 520 525

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
530 535 540

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
545 550 555 560

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
565 570 575

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
580 585 590

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
595 600

<210> 140

<211> 331

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 140

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
1 5 10 15

Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
35 40 45

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg

85 90 95

Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr

100 105 110

His Thr Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser

115 120 125

Cys Gly Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His

130 135 140

Arg Ala Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg

145 150 155 160

Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe

165 170 175

Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu

180 185 190

Ala Asp Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp

195 200 205

Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr

210 215 220

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

225 230 235 240

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe

245 250 255

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln

260 265 270

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

275 280 285

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

290 295 300

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

305 310 315 320

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 141

<211> 1356

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 141

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttccccccа aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

<210> 142

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 142

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 143

<211> 1806

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 143

cagatgcagc tgcaggagag cggccctgga ctcgtgaagc ccagcgagac cctgagcctg 60

acatgcagcg tgagcggcgc cagcatcagc gacagctact ggagctggat caggaggagc 120

cctggcaagg gcctggagtg gatcggctac gtgcacaaga gcggcgacac caactacagc 180

ccctccctga agtccagggt gaacctgtcc ctggacacca gcaagaacca ggtgagcctg 240

tccctggtgg ctgccacagc tgctgacagc ggcaagtact actgtgccag gaccctgcac 300

ggcaggagga tctacggcat cgtggccttc aacgagtggt tcacctactt ctacatggac 360

gtgtggggca acggcaccca ggtgaccgtg agctccgaca aaacccatac cgaggttaga 420

ctggtggagt caggaggggg gcttgtgaag cccggtgggt ctctccgcct gagctgttct 480

gcctccggct ttgatttcga taacgcctgg atgacctggg tcaggcagcc tccaggtaag 540

ggactggagt gggtgggaag aatcacaggt ccaggcgagg gctggtccgt ggactacgcg 600

gaatctgtta aagggcggtt tacaatctca agggacaata ccaagaatac cttgtatttg 660

gagatgaaca acgtgagaac tgaagacacc ggatattact tctgtgccag aacaggcaaa 720

tactacgact tctggtccgg ctatcccccc ggcgaggaat attttcaaga ctggggtcag 780

ggaacccttg ttatcgtgtc ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840

gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900

ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960

agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtcctcag gactctactc cctcagcagc 1020

gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080

aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140

acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200

ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260

gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg 1320

cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380

gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440

aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500

gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc 1560

ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620

gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680

ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740

tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800

ccgggt 1806

<210> 144

<211> 993

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 144

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60

acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120

caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180

ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240

gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300

ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgac aaaacccata cctccgacat cagcgtggcc 360

cccggagaga cagccaggat ctcctgcggc gagaagagcc tgggaagcag ggctgtgcag 420

tggtaccaac acagggccgg acaggctccc agcctgatca tctacaacaa ccaggacagg 480

cccagcggca tccctgagag gttcagcgga agccccgaca gcccccttcgg aaccacagcc 540

accctgacca tcacaagcgt ggaagccggc gacgaggccg actactactg ccacatctgg 600

gacagcaggg tgcccaccaa gtgggtgttt ggcggcggca ccaccctgac cgtgctggat 660

aagacccata cccgtacggt ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720

cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag 780

gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840

accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900

gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960

cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag tgt 993

<210> 145

<211> 460

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 145

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

```
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
    50                  55                  60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
65                  70                  75                  80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
                85                  90                  95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
            100                 105                 110
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
        115                 120                 125
Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro
    130                 135                 140

Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val
145                 150                 155                 160
Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala
                165                 170                 175
Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly
            180                 185                 190
Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly
        195                 200                 205

Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys
    210                 215                 220
Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys
225                 230                 235                 240
Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
                245                 250                 255
Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
            260                 265                 270

Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys
```

275 280 285

Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys

290 295 300

Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu

305 310 315 320

Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys

325 330 335

Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys

340 345 350

Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser

355 360 365

Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys

370 375 380

Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln

385 390 395 400

Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly

405 410 415

Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln

420 425 430

Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn

435 440 445

His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

450 455 460

<210> 146

<211

> 215

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 146

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln

1 5 10 15

Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
20 25 30
Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
35 40 45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60
Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65 70 75 80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
85 90 95
Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gln Pro
100 105 110
Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu

115 120 125
Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro
130 135 140
Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala
145 150 155 160
Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala
165 170 175
Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg

180 185 190
Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr
195 200 205
Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215
<210> 147
<211> 612
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct

<400> 147

```
Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
 1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser

            20                  25                  30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
        35                  40                  45
Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys
    50                  55                  60
Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65                  70                  75                  80
Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala

                85                  90                  95
Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu
            100                 105                 110
Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val
        115                 120                 125
Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser
    130                 135                 140
Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys

145                 150                 155                 160
Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser
                165                 170                 175
Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly
            180                 185                 190
Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp
        195                 200                 205
Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr

    210                 215                 220
Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg
225                 230                 235                 240
```

```
Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala
                245                 250                 255
Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr
            260                 265                 270
Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly

        275                 280                 285
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    290                 295                 300
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
305                 310                 315                 320
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                325                 330                 335
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

            340                 345                 350
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        355                 360                 365
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    370                 375                 380
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
385                 390                 395                 400
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

                405                 410                 415
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            420                 425                 430
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        435                 440                 445
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser
    450                 455                 460
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

465                 470                 475                 480
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
```

485 490 495

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

500 505 510

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln

515 520 525

Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

530 535 540

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

545 550 555 560

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

565 570 575

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

580 585 590

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

595 600 605

Leu Ser Pro Gly

610

<210> 148

<211> 334

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 148

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110
Asp Lys Thr His Thr Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala
115 120 125
Arg Ile Ser Cys Gly Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp
130 135 140
Tyr Gln His Arg Ala Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn
145 150 155 160
Gln Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp

165 170 175
Ser Pro Phe Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala
180 185 190
Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro
195 200 205
Thr Lys Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys
210 215 220
Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro

225 230 235 240
Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
245 250 255
Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
260 265 270
Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
275 280 285
Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala

290 295 300
Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly

305 310 315 320

Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 149

<211> 1383

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 149

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc 420

cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg 480

aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc 540

gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg 600

acagtgccca gcagctctct gggcacccag acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc 660

agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt 720

ccccccttgtc ctgcccccga actgctggga ggcccttccg tgttcctgtt cccccccaaag 780

cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg 840

tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac 900

gccaagacca agccaagaga ggaacagtac aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg 960

accgtgctgc accaggactg gctgaacggc aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag 1020

gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc 1080

caggtgtgca cactgccccc aagcagggac gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc 1140

tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat atcgccgtgg aatgggagag caacggccag 1200

cccgagaaca actacaagac cacccccccct gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg 1260

gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc 1320

gtgatgcacg aggccctgca caaccactac acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1380

aag 1383

<210> 150

<211> 645

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223

> Synthetic Construct

<400> 150

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60

acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120

caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180

ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240

gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300

ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcagt cagcccaagg ctgccccctc ggtcactctg 360

ttcccgccct cgagtgagga gcttcaagcc aacaaggcca cactggtgtg tctcataagt 420

gacttctacc cgggagccgt gacagtggcc tggaaggcag atagcagccc cgtcaaggcg 480

ggagtggaga ccaccacacc ctccaaacaa agcaacaaca agtacgcggc cagcagctac 540

ctgagcctga cgcctgagca gtggaagtcc cacagaagct acagctgcca ggtcacgcat 600

gaagggagca ccgtggagaa gacagtggcc cctacagaat gttca 645

<210> 151

<211> 1836

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 151

cagatgcagc tgcaggagag cggccctgga ctcgtgaagc ccagcgagac cctgagcctg 60

acatgcagcg tgagcggcgc cagcatcagc gacagctact ggagctggat caggaggagc 120

cctggcaagg gcctggagtg gatcggctac gtgcacaaga gcggcgacac caactacagc 180

ccctccctga agtccagggt gaacctgtcc ctggacacca gcaagaacca ggtgagcctg 240

tccctggtgg ctgccacagc tgctgacagc ggcaagtact actgtgccag gaccctgcac 300

ggcaggagga tctacggcat cgtggccttc aacgagtggt tcacctactt ctacatggac 360

gtgtggggca acggcaccca ggtgaccgtg agctccgaca aaacccatac ccaggtgcac 420

ctgacacaga gcggacccga agtgcggaag cctggcacct ctgtgaaggt gtcctgcaag 480

gcccctggca acaccctgaa aacctacgac ctgcactggg tgcgcagcgt gccaggacag 540

ggactgcagt ggatgggctg gatcagccac gagggcgaca agaaagtgat cgtggaacgg 600

ttcaaggcca aagtgaccat cgactgggac agaagcacca acaccgccta cctgcagctg 660

agcggcctga cctctggcga taccgccgtg tactactgcg ccaagggcag caagcaccgg 720

ctgagagact acgccctgta cgacgatgac ggcgccctga actgggccgt ggatgtggac 780

tacctgagca acctggaatt ctggggccag ggcacagccg tgaccgtgtc atctgataag 840

acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 900

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 960

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 1020

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 1080

acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1140

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 1200

ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 1260

cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 1320

ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 1380

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 1440

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1500

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc 1560

cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1620

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1680

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctact caaaactcac cgtggacaag 1740

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1800

cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggt 1836

<210> 152

<211> 1002

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 152

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac ctccgacatc 360

agcgtggccc ccggagagac agccaggatc tcctgcggcg agaagagcct gggaagcagg 420

gctgtgcagt ggtaccaaca cagggccgga caggctccca gcctgatcat ctacaacaac 480

caggacaggc ccagcggcat ccctgagagg ttcagcggaa gccccgacag ccccttcgga 540

accacagcca ccctgaccat cacaagcgtg gaagccggcg acgaggccga ctactactgc 600

cacatctggg acagcagggt gcccaccaag tgggtgtttg gcggcggcac caccctgacc 660

gtgctggata agacccatac ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780

ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 153

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 153

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro

115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr

145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 154

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 154

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 155

<211> 612

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 155

Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser

20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu

65 70 75 80

Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu

100 105 110

Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val

115 120 125

Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser

130 135 140

Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser

165 170 175

Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly

180 185 190

Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp

195 200 205

Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr

210 215 220

Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg

225 230 235 240

Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala

245 250 255

Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr

260 265 270

Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly

275 280 285

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly

290 295 300

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

305 310 315 320

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

325 330 335

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

340 345 350

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

355 360 365

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys

370 375 380

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu

385 390 395 400

Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

405 410 415

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

420 425 430

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

435 440 445

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

450 455 460

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

465 470 475 480

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

485 490 495

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
500 505 510
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln

515 520 525
Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
530 535 540
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
545 550 555 560
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
565 570 575
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

580 585 590
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
595 600 605
Leu Ser Pro Gly
610

<210> 156
<211> 334
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 156

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala

115 120 125

Arg Ile Ser Cys Gly Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp

130 135 140

Tyr Gln His Arg Ala Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn

145 150 155 160

Gln Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp

165 170 175

Ser Pro Phe Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala

180 185 190

Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro

195 200 205

Thr Lys Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys

210 215 220

Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro

225 230 235 240

Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu

245 250 255

Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn

260 265 270

Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser

275 280 285

Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala

290 295 300

Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly

305 310 315 320

Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 157

<211> 1356

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 157

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtcccccct gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc agcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

<210> 158

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 158

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 159

<211> 1836

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 159

cagatgcagc tgcaggagag cggccctgga ctcgtgaagc ccagcgagac cctgagcctg 60

acatgcagcg tgagcggcgc cagcatcagc gacagctact ggagctggat caggaggagc 120

cctggcaagg gcctggagtg gatcggctac gtgcacaaga gcggcgacac caactacagc 180

ccctccctga agtccagggt gaacctgtcc ctggacacca gcaagaacca ggtgagcctg 240

tccctggtgg ctgccacagc tgctgacagc ggcaagtact actgtgccag gaccctgcac 300

ggcaggagga tctacggcat cgtggccttc aacgagtggt tcacctactt ctacatggac 360

gtgtggggca acggcaccca ggtgaccgtg agctccgaca aaacccatac ccaggtgcac 420

ctgacacaga gcggacccga agtgcggaag cctggcacct ctgtgaaggt gtcctgcaag 480

gcccctggca acaccctgaa aacctacgac ctgcactggg tgcgcagcgt gccaggacag 540

ggactgcagt ggatgggctg gatcagccac gagggcgaca agaaagtgat cgtggaacgg 600

ttcaaggcca aagtgaccat cgactgggac agaagcacca acaccgccta cctgcagctg 660

agcggcctga cctctggcga taccgccgtg tactactgcg ccaagggcag caagcaccgg 720

ctgagagact acgccctgta cgacgatgac ggcgccctga actgggccgt ggatgtggac 780

tacctgagca acctggaatt ctggggccag ggcacagccg tgaccgtgtc atctgataag 840

acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 900

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 960

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 1020

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 1080

acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1140

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 1200

ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 1260

cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 1320

ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 1380

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 1440

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1500

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc 1560

cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1620

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1680

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctact caaaactcac cgtggacaag 1740

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1800

cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggt 1836

<210> 160

<211> 1002

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<

223> Synthetic Construct

<400> 160

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac ctccgacatc 360

agcgtggccc ccggagagac agccaggatc tcctgcggcg agaagagcct gggaagcagg 420

gctgtgcagt ggtaccaaca cagggccgga caggctccca gcctgatcat ctacaacaac 480

caggacaggc ccagcggcat ccctgagagg ttcagcggaa gccccgacag ccccttcgga 540

accacagcca ccctgaccat cacaagcgtg gaagccggcg acgaggccga ctactactgc 600

cacatctggg acagcagggt gcccaccaag tgggtgtttg gcggcggcac caccctgacc 660

gtgctggata agacccatac ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780

ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 161

<211> 470

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 161

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr

20 25 30

Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe

50 55 60

Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110

Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125

Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
130 135 140

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
145 150 155 160

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
165 170 175

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
180 185 190

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
195 200 205

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys
210 215 220

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu
225 230 235 240

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
245 250 255

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
260 265 270

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
275 280 285

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
290 295 300

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
305 310 315 320
Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
325 330 335
Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
340 345 350

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
355 360 365
Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
370 375 380
Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
385 390 395 400
Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
405 410 415

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
420 425 430
Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
435 440 445
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
450 455 460
Leu Ser Leu Ser Pro Gly
465 470

<210> 162
<211> 219
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 162
Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

115 120 125

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe

130 135 140

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln

145 150 155 160

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

165 170 175

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

180 185 190

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

195 200 205

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210 215

<210> 163

<211> 592

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 163

```
Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
            20                  25                  30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
    50                  55                  60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
65                  70                  75                  80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
                85                  90                  95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
            100                 105                 110
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
        115                 120                 125
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly
    130                 135                 140

Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr
145                 150                 155                 160
Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala
                165                 170                 175
Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly
            180                 185                 190
Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg
        195                 200                 205

Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro
    210                 215                 220
Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp
225                 230                 235                 240
Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val
```

245 250 255

Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe

260 265 270

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu

275 280 285

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp

290 295 300

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu

305 310 315 320

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser

325 330 335

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro

340 345 350

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys

355 360 365

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro

370 375 380

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

385 390 395 400

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp

405 410 415

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

420 425 430

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

435 440 445

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

450 455 460

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

465 470 475 480

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

485 490 495

Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp
500 505 510
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
515 520 525

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
530 535 540
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
545 550 555 560
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
565 570 575
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
580 585 590

<210> 164
<211> 329
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 164
Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
20 25 30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu

100 105 110

Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile

115 120 125

Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln

130 135 140

Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn

145 150 155 160

Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn

165 170 175

Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp

180 185 190

Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe

195 200 205

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr

210 215 220

Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu

225 230 235 240

Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro

245 250 255

Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly

260 265 270

Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr

275 280 285

Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His

290 295 300

Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val

305 310 315 320

Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325

<210> 165

<211> 1413

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 165

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgcttcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 480

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 540

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 600

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 660

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 720

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgccccga actgctggga 780

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 840

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 900

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 960

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1020

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1080

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1140

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1200

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccct 1260

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1320

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1380

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc aag 1413

<210> 166

<211> 657

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 166

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgta cggtggccgc tcccagcgtg 360

ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420

ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480

agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540

agcagcaccc tgacactgag caaggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa 600

gtgacccacc agggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657

<210> 167

<211> 1776

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 167

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccag agcccacctg 420

gtgcagtctg gcaccgccat gaagaaacca ggcgcctctg tgcgggtgtc ctgtcagaca 480

agcggctaca ccttcaccgc ccacatcctg ttctggttcc ggcaggcccc tggcagagga 540

ctggaatggg tgggatggat caagccccag tatggcgccg tgaacttcgg cggaggcttc 600

cgggatagag tgaccctgac ccgggacgtg taccgcgaga tcgcctacat ggacatccgg 660

ggcctgaagc ccgatgacac cgccgtgtac tactgcgcca gagacagaag ctacggcgac 720

agcagctggg ctctggatgc ttggggccag ggcacaaccg tggtggtgtc tgccgataag 780

acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 840

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 900

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 960

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 1020

acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1080

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 1140

ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 1200

cggaccccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 1260

ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 1320

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 1380

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1440

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc 1500

cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1560

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1620

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctact caaaactcac cgtggacaag 1680

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1740

cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggt 1776

<210> 168

<211> 987

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 168

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagg acaaaaccca taccgcatcc gaactgactc aggaccctgc cgtctctgtg 360
gcactgaagc agactgtgac tattacttgc cgaggcgact cactgcggag ccactacgct 420
tcctggtatc agaagaaacc cggccaggca cctgtgctgc tgttctacgg aaagaacaat 480
aggccatctg gcatccccga ccgcttttct ggcagtgcat cagggaaccg agccagtctg 540
accattaccg gcgcccaggc tgaggacgaa gccgattact attgcagctc ccgggataag 600
agcggctcca gactgagcgt gttcggagga ggaactaaac tgaccgtcct cgataagacc 660
catacccgta cggtggccgc tcccagcgtg ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg 720
aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa 780

gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag 840
caggacagca aggactccac ctacagcctg agcagcaccc tgacactgag caaggccgac 900
tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa gtgacccacc agggcctgtc tagccccgtg 960
accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 987

<210> 169
<211> 470
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 169

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
20 25 30
Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
50 55 60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp

100 105 110

Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu

115 120 125

Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr

130 135 140

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser

145 150 155 160

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu

165 170 175

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His

180 185 190

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser

195 200 205

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys

210 215 220

Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu

225 230 235 240

Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro

245 250 255

Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys

260 265 270

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val

275 280 285

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp

290 295 300

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr

305 310 315 320

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp

325 330 335

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
340 345 350

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
355 360 365

Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
370 375 380

Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
385 390 395 400

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
405 410 415

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
420 425 430

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
435 440 445

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
450 455 460

Leu Ser Leu Ser Pro Gly
465 470

<210> 170

<211> 219

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 170

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

115 120 125

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe

130 135 140

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln

145 150 155 160

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

165 170 175

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

180 185 190

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

195 200 205

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210 215

<210> 171

<211> 550

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 171

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Glu

115 120 125

Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser

130 135 140

Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala Trp

145 150 155 160

Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly

165 170 175

Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu Ser

180 185 190

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr Leu

195 200 205

Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr Phe

210 215 220

Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro Pro

225 230 235 240

Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile Val

245 250 255

Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe

260 265 270

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu

275 280 285

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp

290 295 300

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu

305 310 315 320

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser

325 330 335

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro

340 345 350

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys

355 360 365

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro

370 375 380

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

385 390 395 400

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp

405 410 415

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

420 425 430

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

435 440 445

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

450 455 460

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

465 470 475 480

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

485 490 495

Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp

500 505 510

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

515 520 525

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
530 535 540

Asp Ser Asp Gly Ser Phe
545 550

<210> 172

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 172

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
1 5 10 15

Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
35 40 45

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
85 90 95

Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr
100 105 110

His Thr Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser
115 120 125

Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly
130 135 140

Ser Asp Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu
145 150 155 160

Leu Ile His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe

165 170 175

Ser Gly Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu

180 185 190

Gln Ala Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe

195 200 205

Gly Arg Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr

210 215 220

Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu

225 230 235 240

Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro

245 250 255

Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly

260 265 270

Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr

275 280 285

Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His

290 295 300

Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val

305 310 315 320

Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325

<210> 173

<211> 1413

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400

> 173

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgcttcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 480

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 540

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 600

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 660

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 720

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgccccga actgctggga 780

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 840

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 900

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 960

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1020

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1080

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1140

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1200

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccct 1260

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1320

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1380

acccagaagt ccctgagcct gagccccggc aag 1413

<210> 174

<211> 657

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 174

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgta cggtggccgc tcccagcgtg 360

ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420

ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480

agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540

agcagcaccc tgacactgag caaggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa 600

gtgacccacc agggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657

<210> 175

<211> 1776

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 175

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgaca aaacccatac cgaggttaga ctggtggagt caggaggggg gcttgtgaag 420

cccggtgggt ctctccgcct gagctgttct gcctccggct ttgatttcga taacgcctgg 480

atgacctggg tcaggcagcc tccaggtaag ggactggagt gggtgggaag aatcacaggt 540

ccaggcgagg gctggtccgt ggactacgcg gaatctgtta aagggcggtt tacaatctca 600

agggacaata ccaagaatac cttgtatttg gagatgaaca acgtgagaac tgaagacacc 660

ggatattact tctgtgccag aacaggcaaa tactacgact tctggtccgg ctatcccccc 720

ggcgaggaat attttcaaga ctggggtcag ggaacccttg ttatcgtgtc ctccgataag 780

acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 840

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 900

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 960

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 1020

acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1080

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 1140

ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 1200

cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 1260

ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 1320

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 1380

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1440

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc 1500

cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1560

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1620

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctact caaaactcac cgtggacaag 1680

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1740

cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggt 1776

<210> 176

<211> 987

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 176

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60

acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120

caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180

ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240

gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300

ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgac aaaacccata cctacatcca cgtgacccag 360

agccccagca gcctgtccgt gtccatcggc gacagagtga ccatcaactg ccagacctct 420

cagggcgtgg gcagcgacct gcactggtat cagcacaagc ctggcagagc ccccaagctg 480

ctgatccacc acacaagcag cgtggaagat ggcgtgccca gcagattttc cggcagcggc 540

ttccacacca gcttcaacct gaccatcagc gatctgcagg ccgacgacat tgccacctac 600

tattgtcagg tgctgcagtt cttcggcaga ggcagcagac tgcacatcaa ggataagacc 660

catacccgta cggtggccgc tcccagcgtg ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg 720

aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa 780

gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag 840

caggacagca aggactccac ctacagcctg agcagcaccc tgacactgag caaggccgac 900

tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa gtgacccacc agggcctgtc tagccccgtg 960

accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 987

<210> 177

<211> 460

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 177

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro

130 135 140

Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val

145 150 155 160

Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala

165 170 175

Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly

180 185 190

Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly

195 200 205

Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys

210 215 220

Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys

225 230 235 240

Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu

245 250 255

Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu

260 265 270

Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys

275 280 285

Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys

290 295 300

Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu

305 310 315 320

Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys

325 330 335

Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys

340 345 350

Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser

355 360 365

Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys

370 375 380

Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln

385 390 395 400

Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly

405 410 415

Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
420 425 430
Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn

435 440 445
His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
450 455 460

<210> 178
<211> 215
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 178

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
1 5 10 15
Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
35 40 45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60
Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65 70 75 80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
85 90 95

Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gln Pro
100 105 110
Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu
115 120 125
Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro
130 135 140
Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala

145 150 155 160

Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala
165 170 175
Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg
180 185 190
Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr
195 200 205
Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 179
<211> 602
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 179

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Gln

115 120 125

Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser

130 135 140

Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp

145 150 155 160

Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly

165 170 175

Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys

180 185 190

Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu

195 200 205

Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

210 215 220

Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp

225 230 235 240

Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu

245 250 255

Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His

260 265 270

Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser

275 280 285

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp

290 295 300

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

305 310 315 320

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

325 330 335

Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln

340 345 350

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

355 360 365

Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro

370 375 380

Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

385 390 395 400

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

405 410 415

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn

420 425 430

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

435 440 445

Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

450 455 460

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

465 470 475 480

Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

485 490 495

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp

500 505 510

Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe

515 520 525

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

530 535 540

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

545 550 555 560

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly

565 570 575

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

580 585 590

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

595 600

<210> 180

<211> 332

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 180

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu
115 120 125

Ser Val Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln
130 135 140

Gly Val Gly Ser Asp Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala
145 150 155 160

Pro Lys Leu Leu Ile His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro
165 170 175

Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile
180 185 190

Ser Asp Leu Gln Ala Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu

195 200 205

Gln Phe Phe Gly Arg Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His
210 215 220
Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
225 230 235 240
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
245 250 255
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
260 265 270

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
275 280 285
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
290 295 300
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
305 310 315 320
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
325 330

<210> 181

<211

> 1383

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 181

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc 420

cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg 480

aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc 540

gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg 600

acagtgccca gcagctctct gggcacccag acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc 660

agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt 720

ccccccttgtc ctgcccccga actgctggga ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag 780

cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg 840

tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac 900

gccaagacca agccaagaga ggaacagtac aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg 960

accgtgctgc accaggactg gctgaacggc aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag 1020

gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc 1080

caggtgtgca cactgccccc aagcagggac gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc 1140

tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat atcgccgtgg aatgggagag caacggccag 1200

cccgagaaca actacaagac cacccccccct gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg 1260

gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc 1320

gtgatgcacg aggccctgca caaccactac acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1380

aag 1383

<210> 182

<211> 645

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 182

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60

acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120

caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180

ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240

gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300

ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcagt cagcccaagg ctgccccctc ggtcactctg 360

ttcccgccct cgagtgagga gcttcaagcc aacaaggcca cactggtgtg tctcataagt 420

gacttctacc cgggagccgt gacagtggcc tggaaggcag atagcagccc cgtcaaggcg 480

ggagtggaga ccaccacacc ctccaaacaa agcaacaaca agtacgcggc cagcagctac 540

ctgagcctga cgcctgagca gtggaagtcc cacagaagct acagctgcca ggtcacgcat 600

gaagggagca ccgtggagaa gacagtggcc cctacagaat gttca 645

<210> 183

<211> 1806

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 183

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgaca aaacccatac ccaggtgcac ctgacacaga gcggacccga agtgcggaag 420

cctggcacct ctgtgaaggt gtcctgcaag gcccctggca acaccctgaa aacctacgac 480

ctgcactggg tgcgcagcgt gccaggacag ggactgcagt ggatgggctg gatcagccac 540

gagggcgaca agaaagtgat cgtggaacgg ttcaaggcca aagtgaccat cgactgggac 600

agaagcacca acaccgccta cctgcagctg agcggcctga cctctggcga taccgccgtg 660

tactactgcg ccaagggcag caagcaccgg ctgagagact acgccctgta cgacgatgac 720

ggcgccctga actgggccgt ggatgtggac tacctgagca acctggaatt ctggggccag 780

ggcacagccg tgaccgtgtc atctgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840

gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900

ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960

agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtcctcag gactctactc cctcagcagc 1020

gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080

aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140

acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200

ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260

gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg 1320

cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380
gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440
aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500
gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc 1560
ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620
gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680
ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740
tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800

ccgggt 1806

<210> 184
<211> 996
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 184
gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac ctacatccac 360
gtgacccaga gccccagcag cctgtccgtg tccatcggcg acagagtgac catcaactgc 420
cagacctctc agggcgtggg cagcgacctg cactggtatc agcacaagcc tggcagagcc 480
cccaagctgc tgatccacca cacaagcagc gtggaagatg gcgtgcccag cagattttcc 540
ggcagcggct tccacaccag cttcaacctg accatcagcg atctgcaggc cgacgacatt 600
gccacctact attgtcaggt gctgcagttc ttcggcagag gcagcagact gcacatcaag 660
gataagaccc atacccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720
gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctaccccgc 780

gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840

gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900

aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct 960

agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

<210> 185

<211> 460

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 185

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro

130 135 140

Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val

145 150 155 160

Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala

165 170 175

Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly
180 185 190
Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly
195 200 205

Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys
210 215 220
Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys
225 230 235 240
Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
245 250 255
Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
260 265 270

Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys
275 280 285
Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
290 295 300
Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
305 310 315 320
Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
325 330 335

Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
340 345 350
Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
355 360 365
Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys
370 375 380
Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
385 390 395 400

Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly
405 410 415
Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln

420 425 430

Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn

435 440 445

His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

450 455 460

<210> 186

<211

> 215

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 186

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln

1 5 10 15

Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala

20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr

35 40 45

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg

85 90 95

Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gln Pro

100 105 110

Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu

115 120 125

Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro

130 135 140

Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala

145 150 155 160

Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala
165 170 175
Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg

180 185 190
Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr
195 200 205
Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 187
<211> 602
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 187

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr

20 25 30
Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
50 55 60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr

130 135 140

His Thr Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro

145 150 155 160

Gly Ala Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr

165 170 175

Ala His Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu

180 185 190

Trp Val Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly

195 200 205

Gly Phe Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile

210 215 220

Ala Tyr Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr

225 230 235 240

Tyr Cys Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp

245 250 255

Ala Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His

260 265 270

Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser

275 280 285

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp

290 295 300

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

305 310 315 320

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

325 330 335

Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln

340 345 350

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

355 360 365

Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro

370 375 380

Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
385 390 395 400
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

405 410 415
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
420 425 430
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
435 440 445
Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
450 455 460
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

465 470 475 480
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
485 490 495
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
500 505 510
Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
515 520 525
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

530 535 540
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
545 550 555 560
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
565 570 575
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
580 585 590
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
595 600

<210> 188
<211> 332
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 188

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Asp Phe Val Leu
100 105 110

Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser
115 120 125

Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn
130 135 140

Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu
145 150 155 160

Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
165 170 175

Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu
180 185 190

Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro
195 200 205

Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Asp Lys Thr His
210 215 220

Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
225 230 235 240
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn

245 250 255
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
260 265 270
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
275 280 285
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
290 295 300
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser

305 310 315 320
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
325 330

<210> 189
<211> 1383
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 189
gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60
agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc 420
cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg 480
aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc 540
gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg 600
acagtgccca gcagctctct gggcacccag acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc 660

agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt 720

ccccccttgtc ctgcccccga actgctggga ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag 780

cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg 840

tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac 900

gccaagacca agccaagaga ggaacagtac aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg 960

accgtgctgc accaggactg gctgaacggc aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag 1020

gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc 1080

caggtgtgca cactgccccc aagcagggac gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc 1140

tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat atcgccgtgg aatgggagag caacggccag 1200

cccgagaaca actacaagac cacccccccct gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg 1260

gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc 1320

gtgatgcacg aggccctgca caaccactac acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1380

aag 1383

<210> 190

<211> 645

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 190

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60

acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120

caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180

ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240

gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300

ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcagt cagcccaagg ctgccccctc ggtcactctg 360

ttcccgccct cgagtgagga gcttcaagcc aacaaggcca cactggtgtg tctcataagt 420

gacttctacc cgggagccgt gacagtggcc tggaaggcag atagcagccc cgtcaaggcg 480

ggagtggaga ccaccacacc ctccaaacaa agcaacaaca agtacgcggc cagcagctac 540

ctgagcctga cgcctgagca gtggaagtcc cacagaagct acagctgcca ggtcacgcat 600

gaagggagca ccgtggagaa gacagtggcc cctacagaat gttca 645

<210> 191

<211> 996

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 191

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagg acaaaaccca taccgacttc gtgctgaccc agagccctca cagcctgagc 360

gtgacacctg gcgagagcgc cagcatcagc tgcaagagca gccactccct gatccacggc 420

gaccggaaca actacctggc ttggtacgtg cagaagcccg gcagatcccc ccagctgctg 480

atctacctgg ccagcagcag agccagcggc gtgcccgata gattttctgg cagcggcagc 540

gacaaggact tcaccctgaa gatcagccgg gtggaaaccg aggacgtggg cacctactac 600

tgtatgcagg gcagagagag cccctggacc tttggccagg gcaccaaggt ggacatcaag 660

gataagaccc atacccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720

gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctaccccgc 780

gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840

gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900

aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct 960

agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

<210> 192

<211> 996

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 192

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180
agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagg acaaaaccca taccgacttc gtgctgaccc agagccctca cagcctgagc 360
gtgacacctg gcgagagcgc cagcatcagc tgcaagagca gccactccct gatccacggc 420
gaccggaaca actacctggc ttggtacgtg cagaagcccg gcagatcccc ccagctgctg 480
atctacctgg ccagcagcag agccagcggc gtgcccgata gattttctgg cagcggcagc 540
gacaaggact tcaccctgaa gatcagccgg gtggaaaccg aggacgtggg cacctactac 600

tgtatgcagg gcagagagag cccctggacc tttggccagg gcaccaaggt ggacatcaag 660
gataagaccc atacccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720
gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctaccccgc 780
gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840
gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900
aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct 960
agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

<210> 193

<211> 450
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 193

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
20 25 30
Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
65 70 75 80
Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
100 105 110
Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met

245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly

305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile

325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val

340 345 350

Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser

355 360 365

Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu

370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val

405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Leu

420 425 430

His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser

435 440 445

Pro Gly

450

<210> 194

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 194

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala

20 25 30

Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser

35 40 45

Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg

50 55 60

Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp

65 70 75 80

Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr

85 90 95

Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 195

<211> 615

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 195

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

```
            20                  25                  30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
    50                  55                  60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65                  70                  75                  80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
                85                  90                  95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
            100                 105                 110
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
        115                 120                 125
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly

    130                 135                 140
Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala
145                 150                 155                 160
Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala
                165                 170                 175
Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile
            180                 185                 190
Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg

        195                 200                 205
Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro
    210                 215                 220
Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu
225                 230                 235                 240
Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro
                245                 250                 255
Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly

            260                 265                 270
```

Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
275 280 285
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
290 295 300
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val

325 330 335
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
340 345 350
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
355 360 365
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
370 375 380
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala

385 390 395 400
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
405 410 415
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
420 425 430
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
435 440 445
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

450 455 460
Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
465 470 475 480
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
485 490 495
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
500 505 510
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr

515 520 525

Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

530 535 540

Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr

545 550 555 560

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr

565 570 575

Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe

580 585 590

Ser Cys Ser Val Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys

595 600 605

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

610 615

<210> 196

<211> 337

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 196

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu

85 90 95

Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu Asp
100 105 110
Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val
115 120 125
Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg
130 135 140
Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val

145 150 155 160
Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg
165 170 175
Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly
180 185 190
Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys
195 200 205
Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val

210 215 220
Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile
225 230 235 240
Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val
245 250 255
Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys
260 265 270
Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu

275 280 285
Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu
290 295 300
Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr
305 310 315 320
His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu
325 330 335
Cys

<210> 197

<211> 1350

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 197

caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420

ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540

agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 660

cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgcccccga actgctggga 720

ggcccttccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020

agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgccccc aagcagggac 1080

gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140

atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccccc 1200

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260

tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgctgcatg aggctctgca cagccactac 1320

acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt 1350

<210> 198

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 198

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 199

<211> 1845

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 199

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcagttg 420

gtggagtctg ggggaggcgt ggtccagcct gggacgtccc tgagactctc ctgtgcagcc 480

tctcaattca ggtttgatgg ttatggcatg cactgggtcc gccaggcccc aggcaagggg 540

ctggagtggg tggcatctat atcacatgat ggaattaaaa agtatcacgc agaaaaagtg 600

tggggccgct tcaccatctc cagagacaat tccaagaaca cactgtatct acaaatgaac 660

agcctgcgac ctgaggacac ggctctctac tactgtgcga aagatttgcg agaagacgaa 720

tgtgaagagt ggtggtcgga ttattacgat ttgggaaac aactcccttg cgcaaagtca 780

cgcggcggct tggttggaat tgctgataac tggggccaag ggacaatggt caccgtctct 840

tcagataaga cccacaccgc ttccaccaag ggcccatcgg tcttcccct ggcaccctcc 900

tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 960

gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 1020

gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 1080

agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 1140

gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 1200

cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 1260

atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 1320

gaggtcaagt tcaactggta tgttgacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 1380

cgggaggagc agtacaacag cacgtaccgt gtggtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 1440

gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1500

atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1560

cccccatgcc gggatgagct gaccaagaat caagtcagcc tgtggtgcct ggtaaaaggc 1620

ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1680

aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctactc aaaactcacc 1740

gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgct gcatgaggct 1800

ctgcacagcc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggt 1845

<210> 200

<211> 1011

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<

223> Synthetic Construct

<400> 200

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaaacacctc caacattggc aataattttg tgtcctggta tcaacagcgc 120

cccggcagag ccccccaact cctcatttat gaaactgaca agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcttccaa gtctggtacg tcaggcaccc tggccatcac cgggctgcag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgcc acatgggctg ccagcctgag ttccgcgcgt 300

gtcttcggaa ctgggaccaa ggtcatcgtc ctggacaaaa cccataccgc atccgaactg 360

actcaggacc ctgccgtctc tgtggcactg aagcagactg tgactattac ttgccgaggc 420

gactcactgc ggagccacta cgcttcctgg tatcagaaga aacccggcca ggcacctgtg 480

ctgctgttct acggaaagaa caataggcca tctggcatcc ccgaccgctt ttctggcagt 540

gcatcaggga accgagccag tctgaccatt accggcgccc aggctgagga cgaagccgat 600

tactattgca gctcccggga taagagcggc tccagactga gcgtgttcgg aggaggaact 660

aaactgaccg tcctcgataa gacccatacc cgtacggtgg ccgctcccag cgtgttcatc 720

ttcccaccta gcgacgagca gctgaagtcc ggcacagcct ctgtcgtgtg cctgctgaac 780

aacttctacc cccgcgaggc caaagtgcag tggaaggtgg acaacgccct gcagagcggc 840

aacagccagg aaagcgtgac cgagcaggac agcaaggact ccacctacag cctgagcagc 900

accctgacac tgagcaaggc cgactacgag aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc 960

caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag agcttcaacc ggggcgagtg t 1011

<210> 201

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 201

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
325 330 335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
355 360 365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
370 375 380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385 390 395 400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
420 425 430
Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
435 440 445
Ser Pro Gly
450

<210> 202
<211> 210
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 202

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
20 25 30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
195 200 205

Glu Cys
210

<210> 203
<211> 615
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 203

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
85 90 95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
115 120 125
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
130 135 140
Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala
145 150 155 160
Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala
165 170 175

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile
180 185 190
Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg
195 200 205
Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro
210 215 220
Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu
225 230 235 240

Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro
245 250 255
Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly
260 265 270
Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser

275 280 285

Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr

290 295 300

Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val

325 330 335

His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser

340 345 350

Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile

355 360 365

Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val

370 375 380

Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala

385 390 395 400

Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro

405 410 415

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val

420 425 430

Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val

435 440 445

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

450 455 460

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

465 470 475 480

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala

485 490 495

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro

500 505 510

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr

515 520 525

Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
530 535 540
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
545 550 555 560

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
565 570 575
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
580 585 590
Ser Cys Ser Val Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys
595 600 605
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
610 615

<210> 204
<211> 337
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 204

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu
85 90 95
Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu Asp

100 105 110

Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val

115 120 125

Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg

130 135 140

Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val

145 150 155 160

Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg

165 170 175

Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly

180 185 190

Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys

195 200 205

Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val

210 215 220

Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile

225 230 235 240

Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val

245 250 255

Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys

260 265 270

Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu

275 280 285

Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu

290 295 300

Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr

305 310 315 320

His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu

325 330 335

Cys

<210> 205

<211> 1353

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 205

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1320

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1353

<210> 206

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 206

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 207

<211> 1845

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 207

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcagttg 420

gtggagtctg ggggaggcgt ggtccagcct gggacgtccc tgagactctc ctgtgcagcc 480

tctcaattca ggtttgatgg ttatggcatg cactgggtcc gccaggcccc aggcaagggg 540

ctggagtggg tggcatctat atcacatgat ggaattaaaa agtatcacgc agaaaaagtg 600

tggggccgct tcaccatctc cagagacaat tccaagaaca cactgtatct acaaatgaac 660

agcctgcgac ctgaggacac ggctctctac tactgtgcga aagatttgcg agaagacgaa 720

tgtgaagagt ggtggtcgga ttattacgat tttgggaaac aactcccttg cgcaaagtca 780

cgcggcggct tggttggaat tgctgataac tggggccaag ggacaatggt caccgtctct 840

tcagataaga cccacaccgc ttccaccaag ggcccatcgg tcttcccccct ggcaccctcc 900

tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 960

gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 1020

gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 1080

agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 1140

gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 1200

cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 1260

atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 1320

gaggtcaagt tcaactggta tgttgacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 1380

cgggaggagc agtacaacag cacgtaccgt gtggtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 1440

gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1500

atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1560

cccccatgcc gggatgagct gaccaagaat caagtcagcc tgtggtgcct ggtaaaaggc 1620

ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1680

aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctactc aaaactcacc 1740

gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgct gcatgaggct 1800

ctgcacagcc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggt 1845

<210> 208

<211> 1011

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 208

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaaacacctc caacattggc aataattttg tgtcctggta tcaacagcgc 120

cccggcagag ccccccaact cctcatttat gaaactgaca agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcttccaa gtctggtacg tcaggcaccc tggccatcac cgggctgcag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgcc acatgggctg ccagcctgag ttccgcgcgt 300

gtcttcggaa ctgggaccaa ggtcatcgtc ctggacaaaa cccataccgc atccgaactg 360

actcaggacc ctgccgtctc tgtggcactg aagcagactg tgactattac ttgccgaggc 420

gactcactgc ggagccacta cgcttcctgg tatcagaaga aacccggcca ggcacctgtg 480

ctgctgttct acggaaagaa caataggcca tctggcatcc ccgaccgctt ttctggcagt 540

gcatcaggga accgagccag tctgaccatt accggcgccc aggctgagga cgaagccgat 600

tactattgca gctcccggga taagagcggc tccagactga gcgtgttcgg aggaggaact 660

aaactgaccg tcctcgataa gacccatacc cgtacggtgg ccgctcccag cgtgttcatc 720

ttcccaccta gcgacgagca gctgaagtcc ggcacagcct ctgtcgtgtg cctgctgaac 780

aacttctacc cccgcgaggc caaagtgcag tggaaggtgg acaacgccct gcagagcggc 840

aacagccagg aaagcgtgac cgagcaggac agcaaggact ccacctacag cctgagcagc 900

accctgacac tgagcaaggc cgactacgag aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc 960

caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag agcttcaacc ggggcgagtg t 1011

<210> 209

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 209

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80

```
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
        115                 120                 125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

    130                 135                 140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145                 150                 155                 160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
                165                 170                 175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
            180                 185                 190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

        195                 200                 205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
    210                 215                 220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225                 230                 235                 240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
                245                 250                 255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

            260                 265                 270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
        275                 280                 285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
    290                 295                 300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305                 310                 315                 320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
```

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 210

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 210

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
195 200 205
Glu Cys
210
<210> 211
<211> 611
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 211
Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly

130 135 140

Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala

145 150 155 160

Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val

165 170 175

Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp

180 185 190

Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp

195 200 205

Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser

210 215 220

Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu

225 230 235 240

Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val

245 250 255

Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala

260 265 270

Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro

275 280 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
290 295 300
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
325 330 335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

340 345 350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
355 360 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
370 375 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
385 390 395 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

405 410 415
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
420 425 430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
435 440 445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
450 455 460
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

465 470 475 480
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
485 490 495
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
500 505 510
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
515 520 525
Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

530 535 540

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 212

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 212

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
115 120 125
Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
130 135 140
Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
145 150 155 160
Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp

165 170 175
Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
180 185 190
Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
195 200 205
Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
210 215 220
Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
245 250 255
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
260 265 270
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
275 280 285
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
305 310 315 320
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
325 330 335
Glu Cys

<210> 213
<211> 1353

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 213

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

<210> 214

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223

> Synthetic Construct

<400> 214

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttccagctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 215

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 215

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420

acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480

cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga 540

ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600

aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660

ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720

agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780

ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 216

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 216

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgcatccgaa 360

ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420

ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggtatcaga agaaacccgg ccaggcacct 480

gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540

agtgcatcag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600

gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660

actaaactga ccgtcctcga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 217

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 217

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

```
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro

        115                 120                 125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
    130                 135                 140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145                 150                 155                 160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
                165                 170                 175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

            180                 185                 190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
        195                 200                 205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
    210                 215                 220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225                 230                 235                 240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

                245                 250                 255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
            260                 265                 270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
        275                 280                 285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
    290                 295                 300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305                 310                 315                 320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
                325                 330                 335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
```

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 218

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 218

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
195 200 205
Glu Cys
210

<210> 219
<211> 611
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 219
Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
20 25 30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly

130 135 140

Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala

145 150 155 160

Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val

165 170 175

Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp

180 185 190

Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp

195 200 205

Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser

210 215 220

Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu

225 230 235 240

Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val

245 250 255

Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala

260 265 270

Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro

275 280 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

290 295 300

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

325 330 335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
340 345 350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
355 360 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
370 375 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

385 390 395 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
405 410 415
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
420 425 430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
435 440 445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

450 455 460
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
465 470 475 480
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
485 490 495
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
500 505 510
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

515 520 525
Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
530 535 540
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 220

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 220

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser

115 120 125

Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu

130 135 140

Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro

145 150 155 160

Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp

165 170 175

Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr

180 185 190

Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp

195 200 205

Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

210 215 220

Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

260 265 270

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

275 280 285

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

325 330 335

Glu Cys

<210> 221

<211> 1353

<212

> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 221

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtcccccct gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

<210> 222

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 222

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagaagg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 223

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 223

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420

acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480

cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga 540

ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600

aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660

ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720

agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780

ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 224

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 224

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atcccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgcatccgaa 360

ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420

ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggtatcaga agaaacccgg ccaggcacct 480

gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540

agtgcatcag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600

gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660

actaaactga ccgtcctcga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 225

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 225

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro

115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr

145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Ser Pro Gly

450

<210> 226

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 226

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Ala Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205
Glu Cys
210
<210> 227
<211> 611
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 227
Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
20 25 30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly

130 135 140

Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala

145 150 155 160

Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val

165 170 175

Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp

180 185 190

Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp

195 200 205

Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser

210 215 220

Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu

225 230 235 240

Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val

245 250 255

Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala

260 265 270

Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro

275 280 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

290 295 300

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
325 330 335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
340 345 350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

355 360 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
370 375 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
385 390 395 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
405 410 415
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

420 425 430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
435 440 445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
450 455 460
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
465 470 475 480
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

485 490 495
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
500 505 510
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
515 520 525
Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
530 535 540
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 228

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 228

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser

115 120 125

Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
130 135 140
Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
145 150 155 160
Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
165 170 175
Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr

180 185 190
Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
195 200 205
Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
210 215 220
Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
225 230 235 240
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
260 265 270
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
275 280 285
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
290 295 300
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
325 330 335
Glu Cys

<210> 229
<211> 1353
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 229

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc agcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

<210> 230

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 230

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgc cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 231

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 231

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420

acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480

cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga 540

ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600

aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660

ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720

agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780

ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840
cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccccctgg caccctcctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140
gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200
gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500
atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620
gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680
cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833
<210> 232
<211> 451
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 232
Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1   5   10   15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
            20   25   30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

```
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
    50                  55                  60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
        115                 120                 125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
    130                 135                 140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145                 150                 155                 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
                165                 170                 175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
            180                 185                 190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
        195                 200                 205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
    210                 215                 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225                 230                 235                 240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
                245                 250                 255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
            260                 265                 270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
        275                 280                 285
```

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
290 295 300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305 310 315 320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
325 330 335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
355 360 365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
370 375 380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385 390 395 400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
420 425 430
Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
435 440 445
Ser Pro Gly
450

<210> 233
<211> 210
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 233

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 234

<211> 611

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 234

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
20 25 30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
85 90 95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
115 120 125
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly
130 135 140
Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
145 150 155 160
Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
165 170 175

Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
180 185 190
Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp
195 200 205
Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
210 215 220
Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
225 230 235 240

Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val

245 250 255

Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala

260 265 270

Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro

275 280 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr

290 295 300

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr

305 310 315 320

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

325 330 335

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

340 345 350

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

355 360 365

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

370 375 380

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

385 390 395 400

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

405 410 415

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

420 425 430

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

435 440 445

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

450 455 460

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

465 470 475 480

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

485 490 495

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
500 505 510

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
515 520 525

Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
530 535 540

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
580 585 590

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
595 600 605

Ser Pro Gly
610

<210> 235

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 235

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser

115 120 125

Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu

130 135 140

Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro

145 150 155 160

Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp

165 170 175

Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr

180 185 190

Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp

195 200 205

Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

210 215 220

Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

260 265 270

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

275 280 285

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
325 330 335

Glu Cys

<210> 236

<211> 1353

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 236

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc agcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

<210> 237

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 237

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagaagg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttccagctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 238

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 238

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420
acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480
cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga 540
ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600
aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660
ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720
agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780
ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccctgg caccctcctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140
gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200
gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260
acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500
atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620
gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680
cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 239
<211> 1014
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 239

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgcatccgaa 360

ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420

ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggtatcaga agaaacccgg ccaggcacct 480

gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540

agtgcatcag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600

gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660

actaaactga ccgtcctcga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 240

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 240

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
210 215 220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225 230 235 240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
245 250 255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
275 280 285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
340 345 350

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
355 360 365

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
420 425 430

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
435 440 445

Ser Pro Gly
450

<210> 241
<211> 210
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct

<400> 241

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Ala Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
195 200 205
Glu Cys
210
<210> 242
<211> 611
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 242
Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly

130 135 140

Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala

145 150 155 160

Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val

165 170 175

Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp

180 185 190

Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp

195 200 205

Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser

210 215 220

Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu

225 230 235 240

Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val

245 250 255

```
Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala
            260                 265                 270
Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
        275                 280                 285

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
    290                 295                 300
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305                 310                 315                 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
                325                 330                 335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
            340                 345                 350

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
        355                 360                 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
    370                 375                 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
385                 390                 395                 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
                405                 410                 415

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
            420                 425                 430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
        435                 440                 445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
    450                 455                 460
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
465                 470                 475                 480

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
                485                 490                 495
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
```

500 505 510

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val

515 520 525

Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

530 535 540

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

545 550 555 560

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

565 570 575

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

580 585 590

Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

595 600 605

Ser Pro Gly

610

<210> 243

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 243

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
115 120 125
Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
130 135 140
Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
145 150 155 160
Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
165 170 175

Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
180 185 190
Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
195 200 205
Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
210 215 220
Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
245 250 255
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
260 265 270
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
275 280 285
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
305 310 315 320
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

325 330 335

Glu Cys

<210> 244

<211> 1353

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 244

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540

tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600

cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660

gaacccaaga gctgcgacaa gacccacacc tgtccccctt gtcctgcccc cgaactgctg 720

ggaggccctt ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900

tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080

gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctacccctcc 1140

gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc agcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1200

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260

cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320

tacacccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

<210> 245

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 245

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgc cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttccagctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 246

<211> 1833

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 246

gaggttagac tggtggagtc aggaggggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60

agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120

ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180

gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240

ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300

acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360

tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420

acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480

cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga 540

ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600

aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660

ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720

agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780

ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840

cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttcccctgg caccctcctc caagagcacc 900

tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960

gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020

tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080

cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140

gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200

gggggaccgt cagtcttcct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260

acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320

aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380

tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440

ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560

gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620

gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactacaa gaccacgcct 1680

cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740

aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800

tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 247

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 247

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgcatccgaa 360

ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420

ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggtatcaga agaaacccgg ccaggcacct 480

gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540

agtgcatcag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600

gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660

actaaactga ccgtcctcga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 248

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 248

Asp Cys Thr Leu Asn

1 5

<210> 249

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 249

Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 250

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 250

Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His
1 5 10

<210> 251

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 251

Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile
1 5

<210> 252

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 252

Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val
1 5

<210> 253

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 253

Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala

1 5 10

<210> 254

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 254

Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala Trp

1 5

<210> 255

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 255

Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val

1 5 10

<210> 256

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 256

Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro Pro Gly Glu Glu

1 5 10 15

Tyr Phe Gln Asp

20

<210> 257

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 257

Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp

1 5

<210> 258

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 258

Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys

1 5

<210> 259

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 259

Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp

1 5 10 15

Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn

20 25 30

Leu Glu Phe Trp

35

<210> 260

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 260

Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr

1 5

<210> 261

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 261

Val His Lys Ser Gly Asp Thr

1 5

<210> 262

<211> 26

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 262

Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn

1 5 10 15

Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val

20 25

<210> 263

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 263

Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr Gly

1 5

<210> 264

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 264

Ile Ser His Asp Gly Ile Lys Lys

1 5

<210> 265

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 265

Cys Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp

1 5 10 15

Tyr Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly

20 25 30

Leu Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp

35 40

<210> 266

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 266

Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala

1 5

<210> 267

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 267

Ser Gly Ser Thr Arg Ala Ala

1 5

<210> 268

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 268

Gln Gln Tyr Glu Phe

1 5

<210> 269

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 269

Gln Gly Val Gly Ser Asp

1 5

<210> 270

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 270

His Thr Ser

1

<210> 271

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 271

Gln Val Leu Gln Phe

1 5

<210> 272

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 272

Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser

1 5 10

<210> 273

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 273

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser

1 5

<210> 274

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 274

Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val

1 5 10

<210> 275

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 275

His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr

1 5 10

<210> 276

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 276

Leu Ala Ser

1

<210> 277

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 277

Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe

1 5 10

<210> 278

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 278

Ser Leu Gly Ser Arg Ala

1 5

<210

> 279

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 279

Asn Asn Gln

1

<210> 280

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 280

His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val

1 5 10

<210> 281

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 281

Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 282

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 282

Glu Thr Asp

1

<210> 283

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 283

Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu Ser Ser Ala Arg Val

1 5 10

<210> 284

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 284

Arg Arg Arg Asn Glu Gln Glu Leu Leu Glu Leu Asp Lys Trp Ala Ser

1 5 10 15

Leu Trp Asn Trp Phe Asp Ile Thr Asn Trp Leu Trp Tyr Ile Arg Arg

20 25 30

Arg

<210> 285

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 285

Gly Gly Gly Gly

1

<210> 286

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 286

Gly Gly Gly Gly Gly

1 5

<210> 287

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 287

Gly Gly Gly Gly Gly Gly

1 5

<210> 288

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 288

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

1 5

<210> 289

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 289

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

1 5

<210> 290

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 290

Gly Gly Gly Gly Ser

1 5

<210> 291

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 291

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10

<210> 292

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 292

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 293

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 293

Thr Lys Gly Pro Ser

1 5

<210> 294

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 294

Thr Val Ala Ala Pro

1 5

<210> 295

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 295

Gln Pro Lys Ala Ala

1 5

<210> 296

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 296

Gln Arg Ile Glu Gly

1 5

<210> 297

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 297

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

1 5

<210> 298

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 298

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser

1 5

<210> 299

<

211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 299

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro

1 5

<210> 300

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 300

His Ile Asp Ser Pro Asn Lys

1 5

<210> 301

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 301

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgcatccgaa 360

ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420

ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggtatcaga agaaacccgg ccaggcacct 480

gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540

agtgcatcag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600

gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660

actaaactga ccgtcctcga taagacccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 302

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 302

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro

115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr

180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp

195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr

210 215 220

Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly

435 440 445

Lys

<210> 303

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 303

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 304

<211> 571

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 304

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser

115 120 125

Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala

130 135 140

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln

145 150 155 160

Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser

165 170 175

Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr

180 185 190

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser

195 200 205

Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val

225 230 235 240

Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala

245 250 255

Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu

260 265 270

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly

275 280 285

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser

290 295 300

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu

305 310 315 320

Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr

325 330 335

Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro

340 345 350

Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

355 360 365

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

370 375 380

Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn

385 390 395 400

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

405 410 415

Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

420 425 430

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

435 440 445

Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

450 455 460

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu

465 470 475 480

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe

485 490 495

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

500 505 510

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

515 520 525

Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly

530 535 540

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

545 550 555 560

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

565 570

<210> 305

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 305

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser
115 120 125

Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala
130 135 140

Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
145 150 155 160

Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly
165 170 175

Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu
180 185 190

Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
195 200 205

Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu
210 215 220

Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
260 265 270
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
275 280 285
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
290 295 300
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
305 310 315 320

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
325 330 335
Glu Cys

<210> 306
<211> 1347
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 306
agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgccgcct ctacaaaggg cccctcggtg ttccctctgg ccccttgcag cagaagcacc 420
agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480
gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc ggcgtgcaca cctttccagc cgtgctccag 540
agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc 600
aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg 660

gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct tgcccagccc ctgaatttct gggcggaccc 720

tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa 780

gtgacctgcg tggtggtgga tgtgtcccag gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac 840

gtggacggcg tggaagtgca caacgccaag accaagccca gagaggaaca gttcaacagc 900

acctaccggg tggtgtccgt gctgaccgtg ctgcaccagg actggctgaa cggcaaagag 960

tacaagtgca aggtgtccaa caagggcctg cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag 1020

gccaagggcc agccccgcga gcctcaagtg tataccctgc ccccttgcca ggaagagatg 1080

accaagaacc aggtgtccct gtggtgtctc gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc 1140

gtggaatggg agagcaacgg ccagcccgag aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg 1200

gacagcgacg gctcattctt cctgtactcc aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag 1260

gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg cacgaggccc tgcacaacca ctacacccag 1320

aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1347

<210> 307

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 307

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 308

<211> 1713

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 308

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

agccaggtgc agctggtgga atctggcggc ggagtggtgc agcctggcag aagcctgaga 420

ctgagctgtg ccgccagcgg cttcaccttc accaaggcct ggatgcactg ggtgcgccag 480

gcccctggaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540

acctactacg ccgacagcgt gaagggccgg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600

accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtcgg 660

ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaccct cgtgaccgtg 720

tctagtcgga ccgccagcac aaagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780

agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgcctcgtga aggactactt tcccgagccc 840

gtgaccgtgt cctggaactc tggcgctctg acaagcggcg tgcacacctt tccagccgtg 900

ctccagagca gcggcctgta ctctctgagc agcgtcgtga cagtgcccag cagcagcctg 960

ggcaccaaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020

cgggtggaat ctaagtacgg ccctccctgc cctccttgcc cagcccctga atttctgggc 1080

ggaccctccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccgaggt gcagttcaat 1200

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agcccagaga ggaacagttc 1260

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggcctgccca gctccatcga gaaaaccatc 1380

agcaaggcca agggccagcc ccgcgagcct caagtgtgta ccctgccccc tagccaggaa 1440

gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta ccccagcgac 1500

attgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccccc 1560

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620

tggcaggaag gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1680

acccagaagt ccctgtctct gtccctgggc aag 1713

<210

> 309

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 309

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360

atccagatga cccagagccc cagcagcctg tctgccagcg tgggcgacag agtgaccatc 420

acctgtcagg ccagccagaa catctacgtg tggctgaact ggtatcagca gaagcccggc 480

aaggccccca agctgctgat ctacaaggcc agcaacctgc acaccggcgt gcccagcaga 540

ttttctggca gcggctccgg caccgacttc accctgacaa tcagctccct gcagcccgag 600

gacattgcca cctactactg ccagcagggc cagacctacc cctacacctt tggccagggc 660

accaagctgg aaatcaagac caagggcccc agccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 310

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 310

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr
210 215 220

Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly

435 440 445

Lys

<210> 311

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 311

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 312

<211> 571

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 312

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser
115 120 125

Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
130 135 140

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln
145 150 155 160

Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser
165 170 175

Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr
180 185 190

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser
195 200 205
Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr
210 215 220
Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val

225 230 235 240
Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala
245 250 255
Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu
260 265 270
Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly
275 280 285
Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser

290 295 300
Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu
305 310 315 320
Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr
325 330 335
Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro
340 345 350
Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

355 360 365
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
370 375 380
Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn
385 390 395 400
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
405 410 415
Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

420 425 430
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

435 440 445

Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

450 455 460

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu

465 470 475 480

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe

485 490 495

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

500 505 510

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

515 520 525

Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly

530 535 540

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

545 550 555 560

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

565 570

<210> 313

<211> 342

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 313

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn

20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110
Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala
115 120 125
Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala
130 135 140
Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln
145 150 155 160

Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn
165 170 175
Val Glu Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
180 185 190
Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn
195 200 205
Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly
210 215 220

Thr Lys Leu Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
245 250 255
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
260 265 270
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
275 280 285

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
290 295 300
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

305 310 315 320

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser

325 330 335

Phe Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 314

<211> 1347

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 314

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgcct ctacaaaggg cccctcggtg ttccctctgg ccccttgcag cagaagcacc 420

agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc 480

gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc ggcgtgcaca cctttccagc cgtgctccag 540

agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc 600

aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg 660

gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct tgcccagccc ctgaatttct gggcggaccc 720

tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa 780

gtgacctgcg tggtggtgga tgtgtcccag gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac 840

gtggacggcg tggaagtgca caacgccaag accaagccca gagaggaaca gttcaacagc 900

acctaccggg tggtgtccgt gctgaccgtg ctgcaccagg actggctgaa cggcaaagag 960

tacaagtgca aggtgtccaa caagggcctg cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag 1020

gccaagggcc agccccgcga gcctcaagtg tataccctgc ccccttgcca ggaagagatg 1080

accaagaacc aggtgtccct gtggtgtctc gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc 1140

gtggaatggg agagcaacgg ccagcccgag aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg 1200

gacagcgacg gctcattctt cctgtactcc aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag 1260

gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg cacgaggccc tgcacaacca ctacacccag 1320

aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1347

<210> 315

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 315

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 316

<211> 1713

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 316

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60

acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120

cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180

cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300

tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360

tctcaggtgc agctggtgga atctggcggc ggagtggtgc agcctggcag aagcctgaga 420

ctgagctgtg ccgccagcgg cttcaccttc accaaggcct ggatgcactg ggtgcgccag 480

gcccctggaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540

acctactacg ccgacagcgt gaagggccgg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600

accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtcgg 660

ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaccct cgtgaccgtg 720

tctagtcgga ccgcttcgac caagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780

agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgcctcgtga aggactactt tcccgagccc 840

gtgaccgtgt cctggaactc tggcgctctg acaagcggcg tgcacacctt tccagccgtg 900

ctccagagca gcggcctgta ctctctgagc agcgtcgtga cagtgcccag cagcagcctg 960

ggcaccaaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020

cgggtggaat ctaagtacgg ccctccctgc cctccttgcc cagcccctga atttctgggc 1080

ggaccctccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccgaggt gcagttcaat 1200

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agcccagaga ggaacagttc 1260

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggcctgccca gctccatcga gaaaaccatc 1380

agcaaggcca agggccagcc ccgcgagcct caagtgtgta ccctgccccc tagccaggaa 1440

gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta ccccagcgac 1500

attgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccccc 1560

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620

tggcaggaag gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1680

acccagaagt ccctgtctct gtccctgggc aag 1713

<210> 317

<211> 1026

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 317

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360

atcgtgctga cacagagccc tgctagcctg gccgtgtctc ctggacagag ggccaccatc 420

acctgtagag ccagcgagag cgtggaatat tacgtgacca gcctgatgca gtggtatcag 480

cagaagcccg gccagccccc caagctgctg attttcgccg ccagcaacgt ggaaagcggc 540

gtgccagcca gattttccgg cagcggctct ggcaccgact tcaccctgac catcaacccc 600

gtggaagcca acgacgtggc caactactac tgccagcaga gccggaaggt gccctacacc 660

tttggccagg gcaccaagct ggaaatcaag accaagggcc ccagccgtac ggtggccgct 720

cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac gagcagctga agtccggcac agcctctgtc 780

gtgtgcctgc tgaacaactt ctaccccgc gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac 840

gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc 900

tacagcctga gcagcaccct gacactgagc aaggccgact acgagaagca caaggtgtac 960

gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct agccccgtga ccaagagctt caaccggggc 1020

gagtgt 1026

<210> 318

<211> 468

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 318

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr

20 25 30

Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe

50 55 60

Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu

115 120 125

Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
130 135 140
Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser
145 150 155 160
Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
165 170 175
Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His

180 185 190

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
195 200 205
Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys
210 215 220
Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu
225 230 235 240
Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu

245 250 255

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
260 265 270
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
275 280 285
Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

290 295 300

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr

305 310 315 320

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

325 330 335

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser

340 345 350

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

355 360 365

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val

370 375 380

Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

385 390 395 400

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

405 410 415

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

420 425 430

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

435 440 445

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

450 455 460

Ser Leu Gly Lys

465

<210> 319

<211> 219

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 319

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

115 120 125

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe

130 135 140

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln

145 150 155 160

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

165 170 175

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

180 185 190

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

195 200 205

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210 215

<210> 320

<211> 571

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 320

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser

115 120 125

Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
130 135 140

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln
145 150 155 160

Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser
165 170 175

Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr

180 185 190

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser
195 200 205

Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr
210 215 220

Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
225 230 235 240

Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala

245 250 255

Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu

260 265 270

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly

275 280 285

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser

290 295 300

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu

305 310 315 320

Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr

325 330 335

Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro

340 345 350

Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

355 360 365

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

370 375 380

Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn

385 390 395 400

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

405 410 415

Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

420 425 430

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

435 440 445

Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

450 455 460

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu

465 470 475 480

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe

485 490 495

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

500 505 510

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

515 520 525

Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly

530 535 540

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

545 550 555 560

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

565 570

<210> 321

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 321

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn

20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly

85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser

115 120 125

Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala

130 135 140

Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

145 150 155 160

Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly

165 170 175

Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu

180 185 190

Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

195 200 205

Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu

210 215 220

Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

260 265 270

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

275 280 285

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

325 330 335

Glu Cys

<210> 322

<211> 1404

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 322

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgcttcga ccaagggccc ctcggtgttc cctctggccc cttgcagcag aagcaccagc 480

gaatctacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 540

tcctggaact ctggcgctct gacaagcggc gtgcacacct ttccagccgt gctccagagc 600

agcggcctgt actctctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagcagcct gggcaccaag 660

acctacacct gtaacgtgga ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gcgggtggaa 720

tctaagtacg gccctccctg ccctccttgc ccagcccctg aatttctggg cggaccctcc 780

gtgttcctgt tccccccaaa gcccaaggac accctgatga tcagccggac ccccgaagtg 840

acctgcgtgg tggtggatgt gtcccaggaa gatcccgagg tgcagttcaa ttggtacgtg 900

gacggcgtgg aagtgcacaa cgccaagacc aagcccagag aggaacagtt caacagcacc 960

taccgggtgg tgtccgtgct gaccgtgctg caccaggact ggctgaacgg caaagagtac 1020

aagtgcaagg tgtccaacaa gggcctgccc agctccatcg agaaaaccat cagcaaggcc 1080

aagggccagc cccgcgagcc tcaagtgtat accctgcccc cttgccagga agagatgacc 1140

aagaaccagg tgtccctgtg gtgtctcgtg aaaggcttct accccagcga cattgccgtg 1200

gaatgggaga gcaacggcca gcccgagaac aactacaaga ccaccccccc tgtgctggac 1260

agcgacggct cattcttcct gtactccaag ctgaccgtgg acaagagccg gtggcaggaa 1320

ggcaacgtgt tcagctgctc cgtgatgcac gaggccctgc acaaccacta cacccagaag 1380

tccctgtctc tgtccctggg caag 1404

<210> 323

<211> 657

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 323

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgta cggtggccgc tcccagcgtg 360

ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420

ctgaacaact tctaccccgg cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480

agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540

agcagcaccc tgacactgag caaggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa 600

gtgacccacc agggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657

<210> 324

<211> 1713

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 324

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

agccaggtgc agctggtgga atctggcggc ggagtggtgc agcctggcag aagcctgaga 420

ctgagctgtg ccgccagcgg cttcaccttc accaaggcct ggatgcactg ggtgcgccag 480

gcccctggaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540

acctactacg ccgacagcgt gaagggccgg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600

accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtcgg 660

ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaccct cgtgaccgtg 720

tctagtcgga ccgccagcac aaagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780

agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgcctcgtga aggactactt tcccgagccc 840

gtgaccgtgt cctggaactc tggcgctctg acaagcggcg tgcacacctt tccagccgtg 900

ctccagagca gcggcctgta ctctctgagc agcgtcgtga cagtgcccag cagcagcctg 960

ggcaccaaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020

cgggtggaat ctaagtacgg ccctccctgc cctccttgcc cagcccctga atttctgggc 1080

ggaccctccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccgaggt gcagttcaat 1200

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agcccagaga ggaacagttc 1260

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggcctgccca gctccatcga gaaaaccatc 1380

agcaaggcca agggccagcc ccgcgagcct caagtgtgta ccctgccccc tagccaggaa 1440

gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta ccccagcgac 1500

attgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccct 1560

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620

tggcaggaag gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1680

acccagaagt ccctgtctct gtccctgggc aag 1713

<210> 325

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 325

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360
atccagatga cccagagccc cagcagcctg tctgccagcg tgggcgacag agtgaccatc 420
acctgtcagg ccagccagaa catctacgtg tggctgaact ggtatcagca gaagcccggc 480
aaggccccca agctgctgat ctacaaggcc agcaacctgc acaccggcgt gcccagcaga 540
ttttctggca gcggctccgg caccgacttc accctgacaa tcagctccct gcagcccgag 600
gacattgcca cctactactg ccagcagggc cagacctacc cctacacctt tggccagggc 660
accaagctgg aaatcaagac caagggcccc agccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 326
<211> 468
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 326

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
20 25 30
Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
50 55 60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp

100 105 110

Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu

115 120 125

Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr

130 135 140

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser

145 150 155 160

Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu

165 170 175

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His

180 185 190

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser

195 200 205

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys

210 215 220

Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu

225 230 235 240

Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu

245 250 255

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

260 265 270

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

275 280 285

Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

290 295 300

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr

305 310 315 320

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

325 330 335

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser
340 345 350

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
355 360 365

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val
370 375 380

Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
385 390 395 400

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
405 410 415

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
420 425 430

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
435 440 445

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
450 455 460

Ser Leu Gly Lys
465

<210> 327

<211> 219

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 327

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

115 120 125

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe

130 135 140

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln

145 150 155 160

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

165 170 175

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

180 185 190

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

195 200 205

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210 215

<210> 328

<211> 571

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 328

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr

20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser

115 120 125

Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala

130 135 140

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln

145 150 155 160

Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser

165 170 175

Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr

180 185 190

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser

195 200 205

Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val

225 230 235 240

Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala

245 250 255

Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu

260 265 270

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly

275 280 285

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser

290 295 300

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu

305 310 315 320

Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr

325 330 335

Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro

340 345 350

Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

355 360 365

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

370 375 380

Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn

385 390 395 400

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

405 410 415

Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

420 425 430

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

435 440 445

Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

450 455 460

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu

465 470 475 480

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe

485 490 495

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

500 505 510

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

515 520 525

Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly
530 535 540
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
545 550 555 560
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
565 570

<210> 329
<211> 342
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct

<400> 329
Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
20 25 30
Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45
Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
85 90 95
Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110
Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala
115 120 125

Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala
130 135 140
Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln

145 150 155 160

Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn

165 170 175

Val Glu Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

180 185 190

Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn

195 200 205

Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly

210 215 220

Thr Lys Leu Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala

225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

245 250 255

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

260 265 270

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln

275 280 285

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser

290 295 300

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

305 310 315 320

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser

325 330 335

Phe Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 330

<211> 1404

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 330

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgcttcga ccaagggccc ctcggtgttc cctctggccc cttgcagcag aagcaccagc 480

gaatctacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 540

tcctggaact ctggcgctct gacaagcggc gtgcacacct ttccagccgt gctccagagc 600

agcggcctgt actctctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagcagcct gggcaccaag 660

acctacacct gtaacgtgga ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gcgggtggaa 720

tctaagtacg gccctccctg ccctccttgc ccagcccctg aatttctggg cggaccctcc 780

gtgttcctgt tccccccaaa gcccaaggac accctgatga tcagccggac ccccgaagtg 840

acctgcgtgg tggtggatgt gtcccaggaa gatcccgagg tgcagttcaa ttggtacgtg 900

gacggcgtgg aagtgcacaa cgccaagacc aagcccagag aggaacagtt caacagcacc 960

taccgggtgg tgtccgtgct gaccgtgctg caccaggact ggctgaacgg caaagagtac 1020

aagtgcaagg tgtccaacaa gggcctgccc agctccatcg agaaaaccat cagcaaggcc 1080

aagggccagc cccgcgagcc tcaagtgtat accctgcccc cttgccagga agagatgacc 1140

aagaaccagg tgtccctgtg gtgtctcgtg aaaggcttct accccagcga cattgccgtg 1200

gaatgggaga gcaacggcca gcccgagaac aactacaaga ccacccccc tgtgctggac 1260

agcgacggct cattcttcct gtactccaag ctgaccgtgg acaagagccg gtggcaggaa 1320

ggcaacgtgt tcagctgctc cgtgatgcac gaggccctgc acaaccacta cacccagaag 1380

tccctgtctc tgtccctggg caag 1404

<210> 331

<211> 657

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 331

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgta cggtggccgc tcccagcgtg 360
ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420
ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480
agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540

agcagcaccc tgacactgag caaggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa 600
gtgacccacc agggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657
<210> 332
<211> 1713
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 332
caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60
acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
tctcaggtgc agctggtgga atctggcggc ggagtggtgc agcctggcag aagcctgaga 420
ctgagctgtg ccgccagcgg cttcaccttc accaaggcct ggatgcactg ggtgcgccag 480
gcccctggaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540
acctactacg ccgacagcgt gaagggccgg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600
accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtcgg 660
ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaccct cgtgaccgtg 720

tctagtcgga ccgcttcgac caagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780

agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgcctcgtga aggactactt tcccgagccc 840

gtgaccgtgt cctggaactc tggcgctctg acaagcggcg tgcacacctt tccagccgtg 900

ctccagagca gcggcctgta ctctctgagc agcgtcgtga cagtgcccag cagcagcctg 960

ggcaccaaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020

cgggtggaat ctaagtacgg ccctccctgc cctccttgcc cagcccctga atttctgggc 1080

ggaccctccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccgaggt gcagttcaat 1200

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agcccagaga ggaacagttc 1260

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggcctgccca gctccatcga gaaaaccatc 1380

agcaaggcca agggccagcc ccgcgagcct caagtgtgta ccctgccccc tagccaggaa 1440

gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta ccccagcgac 1500

attgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccct 1560

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620

tggcaggaag gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1680

acccagaagt ccctgtctct gtccctgggc aag 1713

<210> 333

<211> 1026

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 333

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360

atcgtgctga cacagagccc tgctagcctg gccgtgtctc ctggacagag ggccaccatc 420

acctgtagag ccagcgagag cgtggaatat tacgtgacca gcctgatgca gtggtatcag 480

cagaagcccg gccagccccc caagctgctg attttcgccg ccagcaacgt ggaaagcggc 540

gtgccagcca gattttccgg cagcggctct ggcaccgact tcaccctgac catcaacccc 600

gtggaagcca acgacgtggc caactactac tgccagcaga gccggaaggt gccctacacc 660

tttggccagg gcaccaagct ggaaatcaag accaagggcc ccagccgtac ggtggccgct 720

cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac gagcagctga agtccggcac agcctctgtc 780

gtgtgcctgc tgaacaactt ctaccccgc gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac 840

gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc 900

tacagcctga gcagcaccct gacactgagc aaggccgact acgagaagca caaggtgtac 960

gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct agccccgtga ccaagagctt caaccggggc 1020

gagtgt 1026

<210> 334

<211> 448

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 334

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys

20 25 30

Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe

65 70 75 80

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly

100 105 110

Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala

130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His

195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly
210 215 220
Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
225 230 235 240
Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
245 250 255
Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro

260 265 270

Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
275 280 285
Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val
290 295 300
Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
305 310 315 320
Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr

325 330 335

Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu
340 345 350
Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys
355 360 365
Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser

370 375 380

Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp

385 390 395 400

Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser

405 410 415

Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala

420 425 430

Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 335

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 335

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala

20 25 30

Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser

35 40 45

Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg

50 55 60

Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp

65 70 75 80

Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr

85 90 95

Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

195 200 205

Glu Cys

210

<210> 336

<211> 571

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 336

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
100 105 110
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser
115 120 125
Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
130 135 140
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln

145 150 155 160
Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser
165 170 175
Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr
180 185 190
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser
195 200 205
Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr

210 215 220
Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
225 230 235 240
Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala
245 250 255
Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu
260 265 270
Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly

275 280 285
Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser
290 295 300
Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu
305 310 315 320
Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr
325 330 335
Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro

340 345 350

Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

355 360 365

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

370 375 380

Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn

385 390 395 400

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

405 410 415

Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

420 425 430

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

435 440 445

Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

450 455 460

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu

465 470 475 480

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe

485 490 495

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

500 505 510

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

515 520 525

Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly

530 535 540

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

545 550 555 560

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

565 570

<210> 337

<211> 338

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 337

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser
115 120 125

Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala
130 135 140

Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
145 150 155 160

Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly
165 170 175

Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu
180 185 190

Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
195 200 205

Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu

210 215 220

Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val

245 250 255

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp

260 265 270

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

275 280 285

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

290 295 300

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val

305 310 315 320

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly

325 330 335

Glu Cys

<210> 338

<211> 1344

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 338

caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc ctcggtgttc cctctggccc cttgcagcag aagcaccagc 420

gaatctacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaact ctggcgctct gacaagcggc gtgcacacct ttccagccgt gctccagagc 540

agcggcctgt actctctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagcagcct gggcaccaag 600

acctacacct gtaacgtgga ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gcgggtggaa 660

tctaagtacg gccctccctg ccctccttgc ccagcccctg aatttctggg cggaccctcc 720

gtgttcctgt tccccccaaa gcccaaggac accctgatga tcagccggac ccccgaagtg 780

acctgcgtgg tggtggatgt gtcccaggaa gatcccgagg tgcagttcaa ttggtacgtg 840

gacggcgtgg aagtgcacaa cgccaagacc aagcccagag aggaacagtt caacagcacc 900

taccgggtgg tgtccgtgct gaccgtgctg caccaggact ggctgaacgg caaagagtac 960

aagtgcaagg tgtccaacaa gggcctgccc agctccatcg agaaaaccat cagcaaggcc 1020

aagggccagc cccgcgagcc tcaagtgtat accctgcccc cttgccagga agagatgacc 1080

aagaaccagg tgtccctgtg gtgtctcgtg aaaggcttct accccagcga cattgccgtg 1140

gaatgggaga gcaacggcca gcccgagaac aactacaaga ccacccccc tgtgctggac 1200

agcgacggct cattcttcct gtactccaag ctgaccgtgg acaagagccg gtggcaggaa 1260

ggcaacgtgt tcagctgctc cgtgatgcac gaggccctgc acaaccacta cacccagaag 1320

tccctgtctc tgtccctggg caag 1344

<210> 339

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 339

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 340

<211> 1713

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 340

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

agccaggtgc agctggtgga atctggcggc ggagtggtgc agcctggcag aagcctgaga 420

ctgagctgtg ccgccagcgg cttcaccttc accaaggcct ggatgcactg ggtgcgccag 480

gcccctggaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540

acctactacg ccgacagcgt gaagggccgg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600

accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtcgg 660

ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaccct cgtgaccgtg 720

tctagtcgga ccgccagcac aaagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780

agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgcctcgtga aggactactt tcccgagccc 840

gtgaccgtgt cctggaactc tggcgctctg acaagcggcg tgcacacctt ccagccgtg 900

ctccagagca gcggcctgta ctctctgagc agcgtcgtga cagtgcccag cagcagcctg 960

ggcaccaaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020

cgggtggaat ctaagtacgg ccctccctgc cctccttgcc cagcccctga atttctgggc 1080

ggaccctccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccgaggt gcagttcaat 1200

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agcccagaga ggaacagttc 1260

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggcctgccca gctccatcga gaaaaccatc 1380

agcaaggcca agggccagcc ccgcgagcct caagtgtgta ccctgccccc tagccaggaa 1440

gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta ccccagcgac 1500

attgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccccc 1560

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620

tggcaggaag gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1680

acccagaagt ccctgtctct gtccctgggc aag 1713

<210> 341

<211> 1014

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<

223> Synthetic Construct

<400> 341

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360

atccagatga cccagagccc cagcagcctg tctgccagcg tgggcgacag agtgaccatc 420

acctgtcagg ccagccagaa catctacgtg tggctgaact ggtatcagca gaagcccggc 480

aaggccccca agctgctgat ctacaaggcc agcaacctgc acaccggcgt gcccagcaga 540

ttttctggca gcggctccgg caccgacttc accctgacaa tcagctccct gcagcccgag 600

gacattgcca cctactactg ccagcagggc cagacctacc cctacacctt tggccagggc 660

accaagctgg aaatcaagac caagggcccc agccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780

aacaacttct accccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900

agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 342

<211> 448

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 342

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
20 25 30

Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
65 70 75 80

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
100 105 110

Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly

210 215 220

Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
225 230 235 240
Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
245 250 255
Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro
260 265 270
Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
275 280 285

Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val
290 295 300
Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
305 310 315 320
Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr
325 330 335
Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu
340 345 350

Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys
355 360 365
Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser
370 375 380
Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp
385 390 395 400
Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser
405 410 415

Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala
420 425 430
Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
435 440 445

<210> 343

<211> 210

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 343

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
20 25 30

Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
35 40 45

Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
50 55 60

Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
65 70 75 80

Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
85 90 95

Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
100 105 110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
115 120 125

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130 135 140

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145 150 155 160

Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
165 170 175

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
180 185 190

Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
195 200 205

Glu Cys

210

<210> 344

<211> 571

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 344

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser

115 120 125

Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
130 135 140

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln
145 150 155 160

Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser
165 170 175

Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr

180 185 190

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser

195 200 205

Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val

225 230 235 240

Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala

245 250 255

Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu

260 265 270

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly

275 280 285

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser

290 295 300

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu

305 310 315 320

Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr

325 330 335

Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro

340 345 350

Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

355 360 365

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

370 375 380

Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn

385 390 395 400

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

405 410 415

Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

420 425 430

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

435 440 445

Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

450 455 460

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu

465 470 475 480

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe

485 490 495

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu

500 505 510

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

515 520 525

Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly

530 535 540

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

545 550 555 560

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

565 570

<210> 345

<211> 342

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 345

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn

20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly

85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala

115 120 125

Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala

130 135 140

Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln

145 150 155 160

Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn

165 170 175

Val Glu Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

180 185 190

Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn

195 200 205

Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly

210 215 220

Thr Lys Leu Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala

225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

245 250 255

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

260 265 270

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln

275 280 285

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser

290 295 300

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

305 310 315 320

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser

325 330 335

Phe Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 346

<211> 1344

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 346

caggtgcagc tggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60

agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120

cctggcaagc ggcctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180

gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240

ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300

aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360

agcgcgtcga ccaagggccc ctcggtgttc cctctggccc cttgcagcag aagcaccagc 420

gaatctacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480

tcctggaact ctggcgctct gacaagcggc gtgcacacct ttccagccgt gctccagagc 540

agcggcctgt actctctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagcagcct gggcaccaag 600

acctacacct gtaacgtgga ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gcgggtggaa 660

tctaagtacg gccctccctg ccctccttgc ccagcccctg aatttctggg cggaccctcc 720

gtgttcctgt tccccccaaa gcccaaggac accctgatga tcagccggac ccccgaagtg 780

acctgcgtgg tggtggatgt gtcccaggaa gatcccgagg tgcagttcaa ttggtacgtg 840

gacggcgtgg aagtgcacaa cgccaagacc aagcccagag aggaacagtt caacagcacc 900

taccgggtgg tgtccgtgct gaccgtgctg caccaggact ggctgaacgg caaagagtac 960

aagtgcaagg tgtccaacaa gggcctgccc agctccatcg agaaaaccat cagcaaggcc 1020

aagggccagc cccgcgagcc tcaagtgtat accctgcccc cttgccagga agagatgacc 1080

aagaaccagg tgtccctgtg gtgtctcgtg aaaggcttct accccagcga cattgccgtg 1140

gaatgggaga gcaacggcca gcccgagaac aactacaaga ccacccccc tgtgctggac 1200

agcgacggct cattcttcct gtactccaag ctgaccgtgg acaagagccg gtggcaggaa 1260

ggcaacgtgt tcagctgctc cgtgatgcac gaggccctgc acaaccacta cacccagaag 1320

tccctgtctc tgtccctggg caag 1344

<210> 347

<211> 630

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 347

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60

atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120

gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240

ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300

gacatcaagc gtacggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360

ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480

gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 348

<211> 1713

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 348

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60

acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120

cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180

cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300

tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360

tctcaggtgc agctggtgga atctggcggc ggagtggtgc agcctggcag aagcctgaga 420

ctgagctgtg ccgccagcgg cttcaccttc accaaggcct ggatgcactg ggtgcgccag 480

gcccctggaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540

acctactacg ccgacagcgt gaagggccgg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600

accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtcgg 660

ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaccct cgtgaccgtg 720

tctagtcgga ccgcttcgac caagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780

agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgcctcgtga aggactactt tcccgagccc 840

gtgaccgtgt cctggaactc tggcgctctg acaagcggcg tgcacacctt tccagccgtg 900

ctccagagca gcggcctgta ctctctgagc agcgtcgtga cagtgcccag cagcagcctg 960

ggcaccaaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020

cgggtggaat ctaagtacgg ccctccctgc cctccttgcc cagcccctga atttctgggc 1080

ggaccctccg tgttcctgtt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140

cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccgaggt gcagttcaat 1200

tggtacgtgg acggcgtgga agtgcacaac gccaagacca agcccagaga ggaacagttc 1260

aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggcctgccca gctccatcga gaaaaccatc 1380

agcaaggcca agggccagcc ccgcgagcct caagtgtgta ccctgccccc tagccaggaa 1440

gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta ccccagcgac 1500

attgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cacccccct 1560

gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620

tggcaggaag gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1680

acccagaagt ccctgtctct gtccctgggc aag 1713

<210> 349

<211> 1026

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 349

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360

atcgtgctga cacagagccc tgctagcctg gccgtgtctc ctggacagag ggccaccatc 420

acctgtagag ccagcgagag cgtggaatat tacgtgacca gcctgatgca gtggtatcag 480

cagaagcccg gccagccccc caagctgctg attttcgccg ccagcaacgt ggaaagcggc 540

gtgccagcca gattttccgg cagcggctct ggcaccgact tcaccctgac catcaacccc 600

gtggaagcca acgacgtggc caactactac tgccagcaga gccggaaggt gccctacacc 660

tttggccagg gcaccaagct ggaaatcaag accaagggcc ccagccgtac ggtggccgct 720

cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac gagcagctga agtccggcac agcctctgtc 780

gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac 840

gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc 900

tacagcctga gcagcaccct gacactgagc aaggccgact acgagaagca caaggtgtac 960

gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct agccccgtga ccaagagctt caaccggggc 1020

gagtgt 1026

<210> 350

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 350

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

```
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
        35                  40                  45
Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
            100                 105                 110
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
    130                 135                 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
        195                 200                 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
    210                 215                 220
Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
225                 230                 235                 240
Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
                245                 250                 255
Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
            260                 265                 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
```

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 351

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 351

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser

195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210
<210> 352
<211> 573
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 352
Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ser Gln Val Gln Leu Val

115 120 125

Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser

130 135 140

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val

145 150 155 160

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp

165 170 175

Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg

180 185 190

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met

195 200 205

Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val

210 215 220

Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

225 230 235 240

Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro

245 250 255

Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly
260 265 270
Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn
275 280 285
Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln

290 295 300
Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser
305 310 315 320
Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser
325 330 335
Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys
340 345 350
Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu

355 360 365
Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
370 375 380
Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln
385 390 395 400
Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
405 410 415
Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu

420 425 430
Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
435 440 445
Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
450 455 460
Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
465 470 475 480
Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys

485 490 495
Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln

500 505 510

Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly

515 520 525

Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln

530 535 540

Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn

545 550 555 560

His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

565 570

<210> 353

<211> 334

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 353

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn

20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly

85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser

115 120 125

Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr
130 135 140
Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly
145 150 155 160

Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly
165 170 175
Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu
180 185 190
Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
195 200 205
Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Thr Lys
210 215 220

Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
225 230 235 240
Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
245 250 255
Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
260 265 270
Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
275 280 285

Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
290 295 300
Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
305 310 315 320
Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
325 330

<210> 354
<211> 1341
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct

<400> 354

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 355

<211> 642

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223

> Synthetic Construct

<400> 355

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180

agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240

gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300

ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420

ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

<210> 356

<211> 1719

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 356

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgcctctc aggtgcagct ggtggaatct ggcggcggag tggtgcagcc tggcagaagc 420

ctgagactga gctgtgccgc cagcggcttc accttcacca aggcctggat gcactgggtg 480

cgccaggccc ctggaaagca gctggaatgg gtggcccaga tcaaggacaa gagcaacagc 540

tacgccacct actacgccga cagcgtgaag ggccggttca ccatcagccg ggacgacagc 600

aagaacaccc tgtacctgca gatgaacagc ctgcgggccg aggacaccgc cgtgtactac 660

tgtcggggcg tgtactatgc cctgagcccc ttcgattact ggggccaggg aaccctcgtg 720

accgtgtcta gtcggaccgc ttcgaccaag ggcccatcgg tgttccctct ggcccccttgc 780

agcagaagca ccagcgaatc tacagccgcc ctgggctgcc tcgtgaagga ctactttccc 840

gagcccgtga ccgtgtcctg gaactctggc gctctgacaa gcggcgtgca cacctttcca 900

gccgtgctcc agagcagcgg cctgtactct ctgagcagcg tcgtgacagt gcccagcagc 960

agcctgggca ccaagaccta cacctgtaac gtggaccaca agcccagcaa caccaaggtg 1020

gacaagcggg tggaatctaa gtacggccct ccctgccctc cttgcccagc ccctgaattt 1080

ctgggcggac cctccgtgtt cctgttcccc ccaaagccca aggacaccct gatgatcagc 1140

cggacccccg aagtgacctg cgtggtggtg gatgtgtccc aggaagatcc cgaggtgcag 1200

ttcaattggt acgtggacgg cgtggaagtg cacaacgcca agaccaagcc cagagaggaa 1260

cagttcaaca gcacctaccg ggtggtgtcc gtgctgaccg tgctgcacca ggactggctg 1320

aacggcaaag agtacaagtg caaggtgtcc aacaagggcc tgcccagctc catcgagaaa 1380

accatcagca aggccaaggg ccagccccgc gagcctcaag tgtgtaccct gccccctagc 1440

caggaagaga tgaccaagaa ccaggtgtcc ctgagctgtg ccgtgaaagg cttctacccc 1500

agcgacattg ccgtggaatg ggagagcaac ggccagcccg agaacaacta caagaccacc 1560

ccccctgtgc tggacagcga cggctcattc ttcctggtgt ccaagctgac cgtggacaag 1620

agccggtggc aggaaggcaa cgtgttcagc tgctccgtga tgcacgaggc cctgcacaac 1680

cactacaccc agaagtccct gtctctgtcc ctgggcaag 1719

<210> 357

<211> 1002

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 357

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccctac 360

atccacgtga cccagagccc cagcagcctg tccgtgtcca tcggcgacag agtgaccatc 420

aactgccaga cctctcaggg cgtgggcagc gacctgcact ggtatcagca caagcctggc 480

agagccccca agctgctgat ccaccacaca agcagcgtgg aagatggcgt gcccagcaga 540

ttttccggca gcggcttcca caccagcttc aacctgacca tcagcgatct gcaggccgac 600

gacattgcca cctactattg tcaggtgctg cagttcttcg gcagaggcag cagactgcac 660

atcaagacca agggccccag ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720
agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780
ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840
gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900
ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960
ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 358
<211> 447
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct

<400> 358

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
100 105 110
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
340 345 350

Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385 390 395 400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
405 410 415
Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
420 425 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
435 440 445

<210> 359
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 359
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 360
<211> 580
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 360
Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Gln

115 120 125

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser

130 135 140

Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp

145 150 155 160

Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala

165 170 175

Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

180 185 190

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu

195 200 205

Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

210 215 220

Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr

245 250 255

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser

260 265 270

Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu

275 280 285

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His

290 295 300

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser

305 310 315 320

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys

325 330 335

Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu

340 345 350

Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu

355 360 365

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

370 375 380

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

385 390 395 400

Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

405 410 415

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr

420 425 430

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

435 440 445

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser

450 455 460

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

465 470 475 480

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val

485 490 495

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

500 505 510

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

515 520 525

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

530 535 540

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

545 550 555 560

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

565 570 575

Ser Leu Gly Lys

580

<210> 361

<211> 332

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 361

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn

20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly

85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu

115 120 125

Ser Val Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln

130 135 140

Gly Val Gly Ser Asp Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala

145 150 155 160

Pro Lys Leu Leu Ile His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro

165 170 175

Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile

180 185 190

Ser Asp Leu Gln Ala Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu

195 200 205

Gln Phe Phe Gly Arg Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His

210 215 220

Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp

225 230 235 240

Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn

245 250 255

Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu

260 265 270

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp

275 280 285

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr

290 295 300

Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser

305 310 315 320

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 362

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 362

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacaccttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 363

<211> 642

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 363

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180

agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240

gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300

ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420

ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

<210> 364

<211> 1740

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 364

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgaca aaacccatac ccaggtgcag ctggtggaat ctggcggcgg agtggtgcag 420

cctggcagaa gcctgagact gagctgtgcc gccagcggct tcaccttcac caaggcctgg 480

atgcactggg tgcgccaggc ccctggaaag cagctggaat gggtggccca gatcaaggac 540

aagagcaaca gctacgccac ctactacgcc gacagcgtga agggccggtt caccatcagc 600

cgggacgaca gcaagaacac cctgtacctg cagatgaaca gcctgcgggc cgaggacacc 660

gccgtgtact actgtcgggg cgtgtactat gccctgagcc ccttcgatta ctggggccag 720

ggaaccctcg tgaccgtgtc tagtgataag acccacaccg cttcgaccaa gggcccatcg 780

gtgttccctc tggcccctg cagcagaagc accagcgaat ctacagccgc cctgggctgc 840

ctcgtgaagg actactttcc cgagcccgtg accgtgtcct ggaactctgg cgctctgaca 900

agcggcgtgc acaccttcc agccgtgctc cagagcagcg gcctgtactc tctgagcagc 960

gtcgtgacag tgcccagcag cagcctgggc accaagacct acacctgtaa cgtggaccac 1020

aagcccagca acaccaaggt ggacaagcgg gtggaatcta agtacggccc tccctgccct 1080

ccttgcccag cccctgaatt tctgggcgga ccctccgtgt tcctgttccc cccaaagccc 1140

aaggacaccc tgatgatcag ccggaccccc gaagtgacct gcgtggtggt ggatgtgtcc 1200

caggaagatc ccgaggtgca gttcaattgg tacgtggacg gcgtggaagt gcacaacgcc 1260

aagaccaagc ccagagagga acagttcaac agcacctacc gggtggtgtc cgtgctgacc 1320

gtgctgcacc aggactggct gaacggcaaa gagtacaagt gcaaggtgtc caacaagggc 1380

ctgcccagct ccatcgagaa aaccatcagc aaggccaagg gccagccccg cgagcctcaa 1440

gtgtgtaccc tgccccctag ccaggaagag atgaccaaga accaggtgtc cctgagctgt 1500

gccgtgaaag gcttctaccc cagcgacatt gccgtggaat gggagagcaa cggccagccc 1560

gagaacaact acaagaccac ccccccctgtg ctggacagcg acggctcatt cttcctggtg 1620

tccaagctga ccgtggacaa gagccggtgg caggaaggca acgtgttcag ctgctccgtg 1680

atgcacgagg ccctgcacaa ccactacacc cagaagtccc tgtctctgtc cctgggcaag 1740

<210

> 365

<211> 996

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 365

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaaggaca aaacccatac ctacatccac 360

gtgacccaga gccccagcag cctgtccgtg tccatcggcg acagagtgac catcaactgc 420

cagacctctc agggcgtggg cagcgacctg cactggtatc agcacaagcc tggcagagcc 480

cccaagctgc tgatccacca cacaagcagc gtggaagatg gcgtgcccag cagattttcc 540

ggcagcggct tccacaccag cttcaacctg accatcagcg atctgcaggc cgacgacatt 600

gccacctact attgtcaggt gctgcagttc ttcggcagag gcagcagact gcacatcaag 660

gataagaccc atacccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720

gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctaccccgc 780

gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840

gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900

aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct 960

agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

<210> 366

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 366

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 367

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 367

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210

<210> 368

<211> 573

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 368

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
20 25 30

Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ser Arg Ala His Leu Val Gln
115 120 125

Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Arg Val Ser Cys
130 135 140

Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile Leu Phe Trp Phe Arg
145 150 155 160

Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Trp Ile Lys Pro Gln
165 170 175

Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe Arg Asp Arg Val Thr Leu
180 185 190

Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr Met Asp Ile Arg Gly Leu
195 200 205

Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asp Arg Ser Tyr
210 215 220

Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val
225 230 235 240

Val Val Ser Ala Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro
245 250 255

Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly
260 265 270

Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn
275 280 285

Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln
290 295 300

Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser
305 310 315 320

Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser
325 330 335

Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys
340 345 350

Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
355 360 365

Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
370 375 380

Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln
385 390 395 400

Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
405 410 415

Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
420 425 430

Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys

435 440 445

Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys

450 455 460

Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser

465 470 475 480

Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys

485 490 495

Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln

500 505 510

Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly

515 520 525

Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln

530 535 540

Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn

545 550 555 560

His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

565 570

<210> 369

<211> 334

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 369

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile

100 105 110
Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro
115 120 125
Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala
130 135 140
Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln
145 150 155 160
Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg

165 170 175
Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg
180 185 190
Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln
195 200 205
Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Thr Lys
210 215 220
Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro

225 230 235 240
Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
245 250 255
Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
260 265 270
Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
275 280 285
Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala

290 295 300
Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly

305 310 315 320

Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 370

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 370

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 371

<211> 642

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 371

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180

agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240

gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300

ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420

ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

<210> 372

<211> 1719

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 372

caggtgcagc tggtggaatc tggcggcgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60

agctgtgccg ccagcggctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120

cctggaaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180

tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240

ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300

gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360

agtagcagag cccacctggt gcagtctggc accgccatga agaaaccagg cgcctctgtg 420

cgggtgtcct gtcagacaag cggctacacc ttcaccgccc acatcctgtt ctggttccgg 480

caggcccctg gcagaggact ggaatgggtg ggatggatca agccccagta tggcgccgtg 540

aacttcggcg gaggcttccg ggatagagtg accctgaccc gggacgtgta ccgcgagatc 600

gcctacatgg acatccgggg cctgaagccc gatgacaccg ccgtgtacta ctgcgccaga 660

gacagaagct acggcgacag cagctgggct ctggatgctt ggggccaggg cacaaccgtg 720

gtggtgtctg cccggaccgc cagcacaaag ggcccatcgg tgttccctct ggccccttgc 780

agcagaagca ccagcgaatc tacagccgcc ctgggctgcc tcgtgaagga ctactttccc 840

gagcccgtga ccgtgtcctg gaactctggc gctctgacaa gcggcgtgca cacctttcca 900

gccgtgctcc agagcagcgg cctgtactct ctgagcagcg tcgtgacagt gcccagcagc 960

agcctgggca ccaagaccta cacctgtaac gtggaccaca agcccagcaa caccaaggtg 1020

gacaagcggg tggaatctaa gtacggccct ccctgccctc cttgcccagc ccctgaattt 1080

ctgggcggac cctccgtgtt cctgttcccc ccaaagccca aggacaccct gatgatcagc 1140

cggacccccg aagtgacctg cgtggtggtg gatgtgtccc aggaagatcc cgaggtgcag 1200

ttcaattggt acgtggacgg cgtggaagtg cacaacgcca agaccaagcc cagagaggaa 1260

cagttcaaca gcacctaccg ggtggtgtcc gtgctgaccg tgctgcacca ggactggctg 1320

aacggcaaag agtacaagtg caaggtgtcc aacaagggcc tgcccagctc catcgagaaa 1380

accatcagca aggccaaggg ccagccccgc gagcctcaag tgtgtaccct gccccctagc 1440

caggaagaga tgaccaagaa ccaggtgtcc ctgagctgtg ccgtgaaagg cttctacccc 1500

agcgacattg ccgtggaatg ggagagcaac ggccagcccg agaacaacta caagaccacc 1560

ccccctgtgc tggacagcga cggctcattc ttcctggtgt ccaagctgac cgtggacaag 1620

agccggtggc aggaaggcaa cgtgttcagc tgctccgtga tgcacgaggc cctgcacaac 1680

cactacaccc agaagtccct gtctctgtcc ctgggcaag 1719

<210> 373

<211> 1002

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 373

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagg gccagcccaa ggccgccccc gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc 360

ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc atcagctgca agagcagcca gagcctggtg 420

cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg tatctgcaga agcccggcca gagcccccag 480

tccctgatct acaaggtgtc caacagattc agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc 540

ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg 600

tactattgtg gccagggcac ccagtacccc ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa 660

atcaagacca agggccccag ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780

ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 374

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 374

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
340 345 350
Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
355 360 365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
370 375 380
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
405 410 415
Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
420 425 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
435 440 445

<210> 375
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 375

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala

100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln

145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser

165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser

195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210

<210> 376

<211> 580

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 376

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala

20 25 30

Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Arg Ala

115 120 125

His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val

130 135 140

Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile Leu

145 150 155 160

Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Trp

165 170 175

Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe Arg Asp

180 185 190

Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr Met Asp

195 200 205

Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr

245 250 255

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser

260 265 270

Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu

275 280 285

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His

290 295 300

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser

305 310 315 320

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys

325 330 335

Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu

340 345 350

Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu

355 360 365

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

370 375 380

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

385 390 395 400

Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

405 410 415

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr

420 425 430

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

435 440 445

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser

450 455 460

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

465 470 475 480

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val

485 490 495

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

500 505 510

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

515 520 525

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
530 535 540
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

545 550 555 560
Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
565 570 575
Ser Leu Gly Lys
580

<210> 377
<211> 332
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 377
Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Asp Ile Val Met
100 105 110
Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser
115 120 125
Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr

130 135 140

Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu

145 150 155 160

Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

165 170 175

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu

180 185 190

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro

195 200 205

Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Asp Lys Thr His

210 215 220

Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp

225 230 235 240

Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn

245 250 255

Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu

260 265 270

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp

275 280 285

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr

290 295 300

Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser

305 310 315 320

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 378

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 378

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 379

<211> 642

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 379

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180

agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240

gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300

ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420

ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

<210> 380

<211> 1740

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 380

caggtgcagc tggtggaatc tggcggcgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60

agctgtgccg ccagcggctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120

cctggaaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180

tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240

ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300

gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360

agtgacaaaa cccataccag agcccacctg gtgcagtctg gcaccgccat gaagaaacca 420

ggcgcctctg tgcgggtgtc ctgtcagaca agcggctaca ccttcaccgc ccacatcctg 480

ttctggttcc ggcaggcccc tggcagagga ctggaatggg tgggatggat caagccccag 540

tatggcgccg tgaacttcgg cggaggcttc cgggatagag tgaccctgac ccgggacgtg 600

taccgcgaga tcgcctacat ggacatccgg ggcctgaagc ccgatgacac cgccgtgtac 660

tactgcgcca gagacagaag ctacggcgac agcagctggg ctctggatgc ttggggccag 720

ggcacaaccg tggtggtgtc tgccgataag acccacaccg ccagcacaaa gggcccatcg 780

gtgttccctc tggcccctg cagcagaagc accagcgaat ctacagccgc cctgggctgc 840

ctcgtgaagg actactttcc cgagcccgtg accgtgtcct ggaactctgg cgctctgaca 900

agcggcgtgc acacctttcc agccgtgctc cagagcagcg gcctgtactc tctgagcagc 960

gtcgtgacag tgcccagcag cagcctgggc accaagacct acacctgtaa cgtggaccac 1020

aagcccagca acaccaaggt ggacaagcgg gtggaatcta agtacggccc tccctgccct 1080

ccttgcccag cccctgaatt tctgggcgga ccctccgtgt tcctgttccc cccaaagccc 1140

aaggacaccc tgatgatcag ccggaccccc gaagtgacct gcgtggtggt ggatgtgtcc 1200

caggaagatc ccgaggtgca gttcaattgg tacgtggacg gcgtggaagt gcacaacgcc 1260

aagaccaagc ccagagagga acagttcaac agcacctacc gggtggtgtc cgtgctgacc 1320

gtgctgcacc aggactggct gaacggcaaa gagtacaagt gcaaggtgtc caacaagggc 1380

ctgcccagct ccatcgagaa aaccatcagc aaggccaagg gccagccccg cgagcctcaa 1440

gtgtgtaccc tgcccccctag ccaggaagag atgaccaaga accaggtgtc cctgagctgt 1500

gccgtgaaag gcttctaccc cagcgacatt gccgtggaat gggagagcaa cggccagccc 1560

gagaacaact acaagaccac cccccctgtg ctggacagcg acggctcatt cttcctggtg 1620

tccaagctga ccgtggacaa gagccggtgg caggaaggca acgtgttcag ctgctccgtg 1680

atgcacgagg ccctgcacaa ccactacacc cagaagtccc tgtctctgtc cctgggcaag 1740

<210> 381

<211> 996

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 381

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagg acaaaaccca taccgacatc gtgatgaccc agacccccct gagcctgagc 360

gtgacacctg gacagcctgc cagcatcagc tgcaagagca gccagagcct ggtgcacaac 420

aacgccaaca cctacctgag ctggtatctg cagaagcccg gccagagccc ccagtccctg 480

atctacaagg tgtccaacag attcagcggc gtgcccgaca gattctccgg cagcggctct 540

ggcaccgact tcaccctgaa gatcagccgg gtggaagccg aggacgtggg cgtgtactat 600

tgtggccagg gcacccagta ccccttcacc tttggcagcg gcaccaaggt ggaaatcaag 660

gataagaccc atacccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720

gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc 780

gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840

gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900

aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct 960

agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

<210> 382

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 382

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr

20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
210 215 220
Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
225 230 235 240
Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255
Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
260 265 270
Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
275 280 285
Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
290 295 300
Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320
Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
325 330 335
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
340 345 350
Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
355 360 365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 383

<211> 218

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 383

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr

20 25 30

Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn

65 70 75 80

Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg

85 90 95

Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg

100 105 110

Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln

115 120 125

Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr

130 135 140

Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
145 150 155 160
Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
165 170 175

Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
180 185 190
His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
195 200 205
Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 384
<211> 573
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 384
Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr

65 70 75 80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ser Gln Val Gln Leu Val

115 120 125

Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser

130 135 140

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val

145 150 155 160

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp

165 170 175

Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg

180 185 190

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met

195 200 205

Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val

210 215 220

Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

225 230 235 240

Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro

245 250 255

Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly

260 265 270

Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn

275 280 285

Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln

290 295 300

Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser

305 310 315 320

Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser

325 330 335

Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys

340 345 350

Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu

355 360 365

Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
370 375 380
Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln

385 390 395 400
Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
405 410 415
Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
420 425 430
Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
435 440 445
Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys

450 455 460
Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
465 470 475 480
Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys
485 490 495
Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
500 505 510
Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly

515 520 525
Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
530 535 540
Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn
545 550 555 560
His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
565 570

<210> 385
<211> 334
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 385

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1               5                  10                  15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
            20                  25                  30
Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
        35                  40                  45
Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
    50                  55                  60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65                  70                  75                  80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
                85                  90                  95
Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
            100                 105                 110
Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser
        115                 120                 125

Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr
    130                 135                 140
Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly
145                 150                 155                 160
Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly
                165                 170                 175
Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu
            180                 185                 190

Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
        195                 200                 205
Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Thr Lys
    210                 215                 220
Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
225                 230                 235                 240
```

Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
245 250 255

Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
260 265 270
Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
275 280 285
Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
290 295 300
Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
305 310 315 320

Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
325 330

<210> 386
<211> 1341
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 386
caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60
acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 387

<211> 654

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 387

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctcctggaca gagggccacc 60

atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120

cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180

ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240

cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300

acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420

aacaacttct accccgcga ggccaaggtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540

agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

<210> 388

<211> 1719

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 388

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgcctctc aggtgcagct ggtggaatct ggcggcggag tggtgcagcc tggcagaagc 420

ctgagactga gctgtgccgc cagcggcttc accttcacca aggcctggat gcactgggtg 480

cgccaggccc ctggaaagca gctggaatgg gtggcccaga tcaaggacaa gagcaacagc 540

tacgccacct actacgccga cagcgtgaag ggccggttca ccatcagccg ggacgacagc 600

aagaacaccc tgtacctgca gatgaacagc ctgcgggccg aggacaccgc cgtgtactac 660

tgtcggggcg tgtactatgc cctgagcccc ttcgattact ggggccaggg aaccctcgtg 720

accgtgtcta gtcggaccgc ttcgaccaag ggcccatcgg tgttccctct ggccccttgc 780

agcagaagca ccagcgaatc tacagccgcc ctgggctgcc tcgtgaagga ctactttccc 840

gagcccgtga ccgtgtcctg gaactctggc gctctgacaa gcggcgtgca cacctttcca 900

gccgtgctcc agagcagcgg cctgtactct ctgagcagcg tcgtgacagt gcccagcagc 960

agcctgggca ccaagaccta cacctgtaac gtggaccaca agcccagcaa caccaaggtg 1020

gacaagcggg tggaatctaa gtacggccct ccctgccctc cttgcccagc ccctgaattt 1080

ctgggcggac cctccgtgtt cctgttcccc ccaaagccca aggacaccct gatgatcagc 1140

cggacccccg aagtgacctg cgtggtggtg gatgtgtccc aggaagatcc cgaggtgcag 1200

ttcaattggt acgtggacgg cgtggaagtg cacaacgcca agaccaagcc cagagaggaa 1260

cagttcaaca gcacctaccg ggtggtgtcc gtgctgaccg tgctgcacca ggactggctg 1320

aacggcaaag agtacaagtg caaggtgtcc aacaagggcc tgcccagctc catcgagaaa 1380

accatcagca aggccaaggg ccagccccgc gagcctcaag tgtgtaccct gccccctagc 1440

caggaagaga tgaccaagaa ccaggtgtcc ctgagctgtg ccgtgaaagg cttctacccc 1500

agcgacattg ccgtggaatg ggagagcaac ggccagcccg agaacaacta caagaccacc 1560

ccccctgtgc tggacagcga cggctcattc ttcctggtgt ccaagctgac cgtggacaag 1620

agccggtggc aggaaggcaa cgtgttcagc tgctccgtga tgcacgaggc cctgcacaac 1680

cactacaccc agaagtccct gtctctgtcc ctgggcaag 1719

<210

> 389

<211> 1002

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 389

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgccccctac 360

atccacgtga cccagagccc cagcagcctg tccgtgtcca tcggcgacag agtgaccatc 420

aactgccaga cctctcaggg cgtgggcagc gacctgcact ggtatcagca caagcctggc 480

agagccccca agctgctgat ccaccacaca agcagcgtgg aagatggcgt gcccagcaga 540

ttttccggca gcggcttcca caccagcttc aacctgacca tcagcgatct gcaggccgac 600

gacattgcca cctactattg tcaggtgctg cagttcttcg gcagaggcag cagactgcac 660

atcaagacca agggccccag ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780

ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 390

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 390

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr

20 25 30
Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
35 40 45
Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60
Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95
Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220
Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
225 230 235 240
Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 391

<211> 218

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 391

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
20 25 30
Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
65 70 75 80

Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
85 90 95
Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
100 105 110
Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
115 120 125
Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
130 135 140

Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
145 150 155 160
Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
165 170 175
Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
180 185 190
His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
195 200 205

Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215
<210> 392
<211> 580
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 392

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30

Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Gln
115 120 125

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser
130 135 140

Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp
145 150 155 160

Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala
165 170 175

Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
180 185 190

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu
195 200 205

Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
210 215 220

Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr

245 250 255

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser

260 265 270

Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu

275 280 285

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His

290 295 300

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser

305 310 315 320

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys

325 330 335

Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu

340 345 350

Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu

355 360 365

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

370 375 380

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

385 390 395 400

Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

405 410 415

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr

420 425 430

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

435 440 445

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser

450 455 460

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

465 470 475 480

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val

485 490 495

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

500 505 510

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

515 520 525

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

530 535 540

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

545 550 555 560

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

565 570 575

Ser Leu Gly Lys

580

<210> 393

<211> 332

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 393

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn

20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly

85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu

115 120 125

Ser Val Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln

130 135 140

Gly Val Gly Ser Asp Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala

145 150 155 160

Pro Lys Leu Leu Ile His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro

165 170 175

Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile

180 185 190

Ser Asp Leu Gln Ala Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu

195 200 205

Gln Phe Phe Gly Arg Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His

210 215 220

Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp

225 230 235 240

Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn

245 250 255

Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu

260 265 270

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp

275 280 285

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr

290 295 300

Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser

305 310 315 320

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 394

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 394

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60

acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120

cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180

cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300

tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 395

<211> 654

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 395

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctcctggaca gagggccacc 60

atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120

cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180

ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240

cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300

acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420

aacaacttct accccgcga ggccaaggtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540

agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

<210> 396

<211> 1740

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 396

agagcccacc tggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60

tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gcccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120

cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180

ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240

atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300

agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360

tctgccgaca aaacccatac ccaggtgcag ctggtggaat ctggcggcgg agtggtgcag 420

cctggcagaa gcctgagact gagctgtgcc gccagcggct tcaccttcac caaggcctgg 480

atgcactggg tgcgccaggc ccctggaaag cagctggaat gggtggccca gatcaaggac 540

aagagcaaca gctacgccac ctactacgcc gacagcgtga agggccggtt caccatcagc 600

cgggacgaca gcaagaacac cctgtacctg cagatgaaca gcctgcgggc cgaggacacc 660

gccgtgtact actgtcgggg cgtgtactat gccctgagcc ccttcgatta ctggggccag 720

ggaaccctcg tgaccgtgtc tagtgataag acccacaccg cttcgaccaa gggcccatcg 780

gtgttccctc tggcccctg cagcagaagc accagcgaat ctacagccgc cctgggctgc 840

ctcgtgaagg actactttcc cgagcccgtg accgtgtcct ggaactctgg cgctctgaca 900

agcggcgtgc acacctttcc agccgtgctc cagagcagcg gcctgtactc tctgagcagc 960

gtcgtgacag tgcccagcag cagcctgggc accaagacct acacctgtaa cgtggaccac 1020

aagcccagca acaccaaggt ggacaagcgg gtggaatcta agtacggccc tccctgccct 1080

ccttgcccag cccctgaatt tctgggcgga ccctccgtgt tcctgttccc cccaaagccc 1140

aaggacaccc tgatgatcag ccggaccccc gaagtgacct gcgtggtggt ggatgtgtcc 1200

caggaagatc ccgaggtgca gttcaattgg tacgtggacg gcgtggaagt gcacaacgcc 1260

aagaccaagc ccagagagga acagttcaac agcacctacc gggtggtgtc cgtgctgacc 1320

gtgctgcacc aggactggct gaacggcaaa gagtacaagt gcaaggtgtc caacaagggc 1380

ctgcccagct ccatcgagaa aaccatcagc aaggccaagg gccagccccg cgagcctcaa 1440

gtgtgtaccc tgcccccctag ccaggaagag atgaccaaga accaggtgtc cctgagctgt 1500

gccgtgaaag gcttctaccc cagcgacatt gccgtggaat gggagagcaa cggccagccc 1560

gagaacaact acaagaccac cccccctgtg ctggacagcg acggctcatt cttcctggtg 1620

tccaagctga ccgtggacaa gagccggtgg caggaaggca acgtgttcag ctgctccgtg 1680

atgcacgagg ccctgcacaa ccactacacc cagaagtccc tgtctctgtc cctgggcaag 1740

<210> 397

<211> 996

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 397

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaaggaca aaacccatac ctacatccac 360

gtgacccaga gccccagcag cctgtccgtg tccatcggcg acagagtgac catcaactgc 420

cagacctctc agggcgtggg cagcgacctg cactggtatc agcacaagcc tggcagagcc 480

cccaagctgc tgatccacca cacaagcagc gtggaagatg gcgtgcccag cagattttcc 540

ggcagcggct tccacaccag cttcaacctg accatcagcg atctgcaggc cgacgacatt 600

gccacctact attgtcaggt gctgcagttc ttcggcagag gcagcagact gcacatcaag 660

gataagaccc atacccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720

gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctaccccgc 780

gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840

gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900

aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct 960

agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

<210> 398

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 398

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr

20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
340 345 350
Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
355 360 365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385 390 395 400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
405 410 415
Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
420 425 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445
<210> 399
<211> 218
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 399
Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
20 25 30
Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
65 70 75 80
Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg

85 90 95

Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
100 105 110

Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
115 120 125

Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
130 135 140

Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
145 150 155 160

Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
165 170 175

Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
180 185 190

His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
195 200 205

Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 400

<211> 573

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 400

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
20 25 30

Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ser Arg Ala His Leu Val Gln

115 120 125

Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Arg Val Ser Cys

130 135 140

Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile Leu Phe Trp Phe Arg

145 150 155 160

Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Trp Ile Lys Pro Gln

165 170 175

Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe Arg Asp Arg Val Thr Leu

180 185 190

Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr Met Asp Ile Arg Gly Leu

195 200 205

Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asp Arg Ser Tyr

210 215 220

Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val

225 230 235 240

Val Val Ser Ala Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro

245 250 255

Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly

260 265 270

Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn

275 280 285

Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln

290 295 300

Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser

305 310 315 320

Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser

325 330 335

Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys

340 345 350

Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu

355 360 365

Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu

370 375 380

Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln

385 390 395 400

Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys

405 410 415

Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu

420 425 430

Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys

435 440 445

Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys

450 455 460

Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser

465 470 475 480

Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys

485 490 495

Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln

500 505 510

Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly

515 520 525

Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln

530 535 540

Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn

545 550 555 560

His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
565 570

<210> 401

<211> 334

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 401

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile
100 105 110

Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro
115 120 125

Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala
130 135 140

Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln
145 150 155 160

Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg
165 170 175

Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg

180 185 190

Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln
195 200 205

Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Thr Lys
210 215 220

Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
225 230 235 240

Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
245 250 255

Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
260 265 270

Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
275 280 285

Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
290 295 300

Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
305 310 315 320

Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
325 330

<210> 402

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 402

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60

acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120

cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180

cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300

tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 403

<211> 654

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 403

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctcctggaca gagggccacc 60

atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120

cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180

ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240

cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300

acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420

aacaacttct acccccgcga ggccaaggtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540

agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

<210> 404

<211> 1719

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 404

caggtgcagc tggtggaatc tggcggcgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60

agctgtgccg ccagcggctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120

cctggaaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180

tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240

ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300

gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360

agtagcagag cccacctggt gcagtctggc accgccatga agaaaccagg cgcctctgtg 420

cgggtgtcct gtcagacaag cggctacacc ttcaccgccc acatcctgtt ctggttccgg 480

caggcccctg gcagaggact ggaatgggtg ggatggatca agccccagta tggcgccgtg 540

aacttcggcg gaggcttccg ggatagagtg accctgaccc gggacgtgta ccgcgagatc 600

gcctacatgg acatccgggg cctgaagccc gatgacaccg ccgtgtacta ctgcgccaga 660

gacagaagct acggcgacag cagctgggct ctggatgctt ggggccaggg cacaaccgtg 720

gtggtgtctg cccggaccgc cagcacaaag ggcccatcgg tgttccctct ggcccccttgc 780

agcagaagca ccagcgaatc tacagccgcc ctgggctgcc tcgtgaagga ctactttccc 840

gagcccgtga ccgtgtcctg gaactctggc gctctgacaa gcggcgtgca caccttcca 900

gccgtgctcc agagcagcgg cctgtactct ctgagcagcg tcgtgacagt gcccagcagc 960

agcctgggca ccaagaccta cacctgtaac gtggaccaca agcccagcaa caccaaggtg 1020

gacaagcggg tggaatctaa gtacggccct ccctgccctc cttgcccagc ccctgaattt 1080

ctgggcggac cctccgtgtt cctgttcccc ccaaagccca aggacaccct gatgatcagc 1140

cggacccccg aagtgacctg cgtggtggtg gatgtgtccc aggaagatcc cgaggtgcag 1200

ttcaattggt acgtggacgg cgtggaagtg cacaacgcca agaccaagcc cagagaggaa 1260

cagttcaaca gcacctaccg ggtggtgtcc gtgctgaccg tgctgcacca ggactggctg 1320

aacggcaaag agtacaagtg caaggtgtcc aacaagggcc tgcccagctc catcgagaaa 1380

accatcagca aggccaaggg ccagccccgc gagcctcaag tgtgtaccct gccccctagc 1440

caggaagaga tgaccaagaa ccaggtgtcc ctgagctgtg ccgtgaaagg cttctacccc 1500

agcgacattg ccgtggaatg ggagagcaac ggccagcccg agaacaacta caagaccacc 1560

ccccctgtgc tggacagcga cggctcattc ttcctggtgt ccaagctgac cgtggacaag 1620

agccggtggc aggaaggcaa cgtgttcagc tgctccgtga tgcacgaggc cctgcacaac 1680

cactacaccc agaagtccct gtctctgtcc ctgggcaag 1719

<210

> 405

<211> 1002

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 405

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagg gccagcccaa ggccgccccc gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc 360

ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc atcagctgca agagcagcca gagcctggtg 420

cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg tatctgcaga agcccggcca gagcccccag 480

tccctgatct acaaggtgtc caacagattc agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc 540

ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg 600

tactattgtg gccagggcac ccagtacccc ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa 660

atcaagacca agggccccag ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780

ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 406

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 406

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220
Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
225 230 235 240
Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
245 250 255
Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
260 265 270
Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285
Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
290 295 300
Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
305 310 315 320
Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
325 330 335
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350
Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
355 360 365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
370 375 380
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385 390 395 400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415
Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
420 425 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 407

<211> 218

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 407

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
20 25 30

Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
65 70 75 80

Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
85 90 95

Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
100 105 110

Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
115 120 125

Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
130 135 140

Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
145 150 155 160

Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
165 170 175

Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
180 185 190

His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
195 200 205

Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 408

<211> 580

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 408

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
20 25 30

Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Arg Ala
115 120 125

His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140

Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile Leu
145 150 155 160

Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Trp

165 170 175

Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe Arg Asp

180 185 190

Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr Met Asp

195 200 205

Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr

245 250 255

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser

260 265 270

Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu

275 280 285

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His

290 295 300

Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser

305 310 315 320

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys

325 330 335

Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu

340 345 350

Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu

355 360 365

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu

370 375 380

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser

385 390 395 400

Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

405 410 415

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr

420 425 430

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

435 440 445

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser

450 455 460

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

465 470 475 480

Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val

485 490 495

Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

500 505 510

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

515 520 525

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr

530 535 540

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

545 550 555 560

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu

565 570 575

Ser Leu Gly Lys

580

<210> 409

<211> 332

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 409

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Asp Ile Val Met

100 105 110

Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser

115 120 125

Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr

130 135 140

Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu

145 150 155 160

Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

165 170 175

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu

180 185 190

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro

195 200 205

Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Asp Lys Thr His

210 215 220

Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp

225 230 235 240

Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn

245 250 255

Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu

260 265 270

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp

275 280 285

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr

290 295 300

Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser

305 310 315 320

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325 330

<210> 410

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 410

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60

acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120

cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180

cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300

tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 411

<211> 654

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 411

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctcctggaca gagggccacc 60

atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120

cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180

ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240

cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300

acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420

aacaacttct accccgcga ggccaaggtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540

agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

<210> 412

<211> 1740

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 412

caggtgcagc tggtggaatc tggcggcgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60

agctgtgccg ccagcggctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120

cctggaaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180

tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240

ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300

gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360

agtgacaaaa cccataccag agcccacctg gtgcagtctg gcaccgccat gaagaaacca 420

ggcgcctctg tgcgggtgtc ctgtcagaca agcggctaca ccttcaccgc ccacatcctg 480

ttctggttcc ggcaggcccc tggcagagga ctggaatggg tgggatggat caagccccag 540

tatggcgccg tgaacttcgg cggaggcttc cgggatagag tgaccctgac ccgggacgtg 600

taccgcgaga tcgcctacat ggacatccgg ggcctgaagc ccgatgacac cgccgtgtac 660

tactgcgcca gagacagaag ctacggcgac agcagctggg ctctggatgc ttggggccag 720

ggcacaaccg tggtggtgtc tgccgataag acccacaccg ccagcacaaa gggcccatcg 780

gtgttccctc tggcccctg cagcagaagc accagcgaat ctacagccgc cctgggctgc 840

ctcgtgaagg actactttcc cgagcccgtg accgtgtcct ggaactctgg cgctctgaca 900

agcggcgtgc acacctttcc agccgtgctc cagagcagcg gcctgtactc tctgagcagc 960

gtcgtgacag tgcccagcag cagcctgggc accaagacct acacctgtaa cgtggaccac 1020

aagcccagca acaccaaggt ggacaagcgg gtggaatcta agtacggccc tccctgccct 1080

ccttgcccag cccctgaatt tctgggcgga ccctccgtgt tcctgttccc cccaaagccc 1140

aaggacaccc tgatgatcag ccggaccccc gaagtgacct gcgtggtggt ggatgtgtcc 1200

caggaagatc ccgaggtgca gttcaattgg tacgtggacg gcgtggaagt gcacaacgcc 1260

aagaccaagc ccagagagga acagttcaac agcacctacc gggtggtgtc cgtgctgacc 1320

gtgctgcacc aggactggct gaacggcaaa gagtacaagt gcaaggtgtc caacaagggc 1380

ctgcccagct ccatcgagaa aaccatcagc aaggccaagg gccagccccg cgagcctcaa 1440

gtgtgtaccc tgcccccctag ccaggaagag atgaccaaga accaggtgtc cctgagctgt 1500

gccgtgaaag gcttctaccc cagcgacatt gccgtggaat gggagagcaa cggccagccc 1560

gagaacaact acaagaccac cccccctgtg ctggacagcg acggctcatt cttcctggtg 1620

tccaagctga ccgtggacaa gagccggtgg caggaaggca acgtgttcag ctgctccgtg 1680

atgcacgagg ccctgcacaa ccactacacc cagaagtccc tgtctctgtc cctgggcaag 1740

<210> 413

<211> 996

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 413

tacatccacg tgacccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60

atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180

agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240

gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300

cacatcaagg acaaaaccca taccgacatc gtgatgaccc agacccccct gagcctgagc 360

gtgacacctg gacagcctgc cagcatcagc tgcaagagca gccagagcct ggtgcacaac 420

aacgccaaca cctacctgag ctggtatctg cagaagcccg gccagagccc ccagtccctg 480

atctacaagg tgtccaacag attcagcggc gtgcccgaca gattctccgg cagcggctct 540

ggcaccgact tcaccctgaa gatcagccgg gtggaagccg aggacgtggg cgtgtactat 600

tgtggccagg gcacccagta ccccttcacc tttggcagcg gcaccaaggt ggaaatcaag 660

gataagaccc atacccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720

gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctaccccgc 780

gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840

gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900

aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgacccacca gggcctgtct 960

agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

<210> 414

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 414

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
275 280 285
Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
290 295 300
Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320
Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
325 330 335
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
340 345 350
Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
355 360 365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385 390 395 400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
405 410 415
Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
420 425 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445
<210> 415
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 415
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala

100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln

145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser

165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser

195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210

<210> 416

<211> 592

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 416

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
20 25 30
Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
50 55 60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val
130 135 140

Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu
145 150 155 160
Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met
165 170 175
His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln
180 185 190
Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
195 200 205

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
210 215 220
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
225 230 235 240
Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

245 250 255

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

260 265 270

Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala

275 280 285

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val

290 295 300

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala

305 310 315 320

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

325 330 335

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His

340 345 350

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly

355 360 365

Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser

370 375 380

Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg

385 390 395 400

Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro

405 410 415

Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala

420 425 430

Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val

435 440 445

Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr

450 455 460

Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr

465 470 475 480

Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu

485 490 495

Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys
500 505 510

Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser
515 520 525

Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp
530 535 540

Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser
545 550 555 560

Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala
565 570 575

Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
580 585 590

<210> 417

<211> 343

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 417

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His

115 120 125

Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser

130 135 140

Ser His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr

145 150 155 160

Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser

165 170 175

Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp

180 185 190

Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly

195 200 205

Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln

210 215 220

Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala

225 230 235 240

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser

245 250 255

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu

260 265 270

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser

275 280 285

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu

290 295 300

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val

305 310 315 320

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys

325 330 335

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 418

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 418

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 419

<211> 642

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 419

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180

agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240

gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300

ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420

ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

<210> 420

<211> 1776

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 420

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tcttctcagg tgcagctggt ggaatctggc ggcggagtgg tgcagcctgg cagaagcctg 480

agactgagct gtgccgccag cggcttcacc ttcaccaagg cctggatgca ctgggtgcgc 540

caggcccctg gaaagcagct ggaatgggtg gcccagatca aggacaagag caacagctac 600

gccacctact acgccgacag cgtgaagggc cggttcacca tcagccggga cgacagcaag 660

aacaccctgt acctgcagat gaacagcctg cgggccgagg acaccgccgt gtactactgt 720

cggggcgtgt actatgccct gagccccttc gattactggg gccagggaac cctcgtgacc 780

gtgtctagtc ggaccgcttc gaccaagggc ccatcggtgt tccctctggc cccttgcagc 840

agaagcacca gcgaatctac agccgccctg ggctgcctcg tgaaggacta ctttcccgag 900

cccgtgaccg tgtcctggaa ctctggcgct ctgacaagcg gcgtgcacac ctttccagcc 960

gtgctccaga gcagcggcct gtactctctg agcagcgtcg tgacagtgcc cagcagcagc 1020

ctgggcacca agacctacac ctgtaacgtg gaccacaagc ccagcaacac caaggtggac 1080

aagcgggtgg aatctaagta cggccctccc tgccctcctt gcccagcccc tgaatttctg 1140

ggcggaccct ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 1200

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccagg aagatcccga ggtgcagttc 1260

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagcccag agaggaacag 1320

ttcaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 1380

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aagggcctgc ccagctccat cgagaaaacc 1440

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgag cctcaagtgt gtaccctgcc ccctagccag 1500

gaagagatga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctaccccagc 1560

gacattgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1620

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgaccgt ggacaagagc 1680

cggtggcagg aaggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1740

tacacccaga agtccctgtc tctgtccctg ggcaag 1776

<210> 421

<211> 1029

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 421

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360
ttcgtgctga cccagagccc tcacagcctg agcgtgacac ctggcgagag cgccagcatc 420
agctgcaaga gcagccactc cctgatccac ggcgaccgga acaactacct ggcttggtac 480
gtgcagaagc ccggcagatc cccccagctg ctgatctacc tggccagcag cagagccagc 540
ggcgtgcccg atagattttc tggcagcggc agcgacaagg acttcaccct gaagatcagc 600
cgggtggaaa ccgaggacgt gggcacctac tactgtatgc agggcagaga gagcccctgg 660
acctttggcc agggcaccaa ggtggacatc aagaccaagg gccccagccg tacggtggcc 720

gctcccagcg tgttcatctt cccacctagc gacgagcagc tgaagtccgg cacagcctct 780
gtcgtgtgcc tgctgaacaa cttctacccc cgcgaggcca aagtgcagtg gaaggtggac 840
aacgccctgc agagcggcaa cagccaggaa agcgtgaccg agcaggacag caaggactcc 900
acctacagcc tgagcagcac cctgacactg agcaaggccg actacgagaa gcacaaggtg 960
tacgcctgcg aagtgaccca ccagggcctg tctagccccg tgaccaagag cttcaaccgg 1020
ggcgagtgt 1029

<210> 422
<211> 447
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct

<400> 422

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
        35                  40                  45
Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
```

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
325 330 335
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
340 345 350
Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
355 360 365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385 390 395 400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
405 410 415
Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
420 425 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
435 440 445

<210> 423
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 423
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala

100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln

145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser

165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser

195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210

<210> 424

<211> 599

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 424

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr

20 25 30

Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
50 55 60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
130 135 140
His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro

145 150 155 160
Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr
165 170 175
Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu
180 185 190
Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr
195 200 205
Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys

210 215 220
Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala
225 230 235 240
Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr
245 250 255
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr
260 265 270
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg

275 280 285
Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

290 295 300

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

305 310 315 320

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

325 330 335

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr

340 345 350

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

355 360 365

Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro

370 375 380

Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys

385 390 395 400

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val

405 410 415

Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp

420 425 430

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe

435 440 445

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp

450 455 460

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu

465 470 475 480

Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg

485 490 495

Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys

500 505 510

Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

515 520 525

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys

530 535 540

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
545 550 555 560
Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser
565 570 575
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
580 585 590
Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
595

<210> 425
<211> 341
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 425
Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
20 25 30
Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45
Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
85 90 95
Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110
Asp Lys Thr His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu

115 120 125
Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His

130 135 140

Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln

145 150 155 160

Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg

165 170 175

Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp

180 185 190

Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr

195 200 205

Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr

210 215 220

Lys Val Asp Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr

245 250 255

Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys

260 265 270

Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu

275 280 285

Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser

290 295 300

Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala

305 310 315 320

Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe

325 330 335

Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 426

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 426

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 427

<211> 642

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 427

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180

agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240

gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300

ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420

ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

<210> 428

<211> 1797

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 428

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgacaaaa cccataccca ggtgcagctg gtggaatctg gcggcggagt ggtgcagcct 480

ggcagaagcc tgagactgag ctgtgccgcc agcggcttca ccttcaccaa ggcctggatg 540

cactgggtgc gccaggcccc tggaaagcag ctggaatggg tggcccagat caaggacaag 600

agcaacagct acgccaccta ctacgccgac agcgtgaagg gccggttcac catcagccgg 660

gacgacagca agaacaccct gtacctgcag atgaacagcc tgcgggccga ggacaccgcc 720

gtgtactact gtcggggcgt gtactatgcc ctgagcccct tcgattactg gggccaggga 780

accctcgtga ccgtgtctag tgataagacc cacaccgctt cgaccaaggg cccatcggtg 840

ttccctctgg ccccttgcag cagaagcacc agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc 900

gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc 960

ggcgtgcaca cctttccagc cgtgctccag agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc 1020

gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag 1080

cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct 1140

tgcccagccc ctgaatttct gggcggaccc tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag 1200

gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa gtgacctgcg tggtggtgga tgtgtcccag 1260

gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac gtggacggcg tggaagtgca caacgccaag 1320

accaagccca gagaggaaca gttcaacagc acctaccggg tggtgtccgt gctgaccgtg 1380

ctgcaccagg actggctgaa cggcaaagag tacaagtgca aggtgtccaa caagggcctg 1440

cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag gccaagggcc agccccgcga gcctcaagtg 1500

tgtaccctgc cccctagcca ggaagagatg accaagaacc aggtgtccct gagctgtgcc 1560

gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc gtggaatggg agagcaacgg ccagcccgag 1620

aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg gacagcgacg gctcattctt cctggtgtcc 1680

aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg 1740

cacgaggccc tgcacaacca ctacacccag aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1797

<210> 429

<211> 1023

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 429

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaaggaca aaacccatac cgacttcgtg 360

ctgacccaga gccctcacag cctgagcgtg acacctggcg agagcgccag catcagctgc 420

aagagcagcc actccctgat ccacggcgac cggaacaact acctggcttg gtacgtgcag 480

aagcccggca gatcccccca gctgctgatc tacctggcca gcagcagagc cagcggcgtg 540

cccgatagat tttctggcag cggcagcgac aaggacttca ccctgaagat cagccgggtg 600

gaaaccgagg acgtgggcac ctactactgt atgcagggca gagagagccc ctggaccttt 660

ggccagggca ccaaggtgga catcaaggat aagacccata cccgtacggt ggccgctccc 720

agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg 780

tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc 840

ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg accgagcagg acagcaagga ctccacctac 900

agcctgagca gcaccctgac actgagcaag gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc 960

tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag 1020

tgt 1023

<210> 430

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 430

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 431

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 431

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala

100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln

145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser

165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser

195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210

<210> 432

<211> 592

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 432

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala

20 25 30

Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val His Leu Thr Gln

115 120 125

Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys

130 135 140

Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg

145 150 155 160

Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu

165 170 175

Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile

180 185 190

Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu

195 200 205

Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His

210 215 220

Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp

225 230 235 240

Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly

245 250 255

Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

260 265 270

Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala

275 280 285

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val

290 295 300

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala

305 310 315 320

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

325 330 335

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His

340 345 350

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly

355 360 365

Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser

370 375 380

Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg

385 390 395 400

Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro

405 410 415

Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala

420 425 430

Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val

435 440 445

Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr

450 455 460

Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr

465 470 475 480

Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu

485 490 495

Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys

500 505 510

Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser

515 520 525

Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp

530 535 540

Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser

545 550 555 560

Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala

565 570 575

Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
580 585 590

<210> 433

<211> 343

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 433

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105 110

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu
115 120 125

Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser
130 135 140

Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr
145 150 155 160

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser
165 170 175

Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

180 185 190

Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly

195 200 205

Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser

210 215 220

Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala

225 230 235 240

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser

245 250 255

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu

260 265 270

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser

275 280 285

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu

290 295 300

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val

305 310 315 320

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys

325 330 335

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 434

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 434

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 435

<211> 642

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 435

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180

agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240

gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300

ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420

ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

<210> 436

<211> 1776

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 436

caggtgcagc tggtggaatc tggcggcgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60

agctgtgccg ccagcggctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120

cctggaaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180

tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240

ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300

gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360

agtagccagg tgcacctgac acagagcgga cccgaagtgc ggaagcctgg cacctctgtg 420

aaggtgtcct gcaaggcccc tggcaacacc ctgaaaacct acgacctgca ctgggtgcgc 480

agcgtgccag gacagggact gcagtggatg ggctggatca gccacgaggg cgacaagaaa 540

gtgatcgtgg aacggttcaa ggccaaagtg accatcgact gggacagaag caccaacacc 600

gcctacctgc agctgagcgg cctgacctct ggcgataccg ccgtgtacta ctgcgccaag 660

ggcagcaagc accggctgag agactacgcc ctgtacgacg atgacggcgc cctgaactgg 720

gccgtggatg tggactacct gagcaacctg gaattctggg gccagggcac agccgtgacc 780

gtgtcatctc ggaccgccag cacaaagggc ccatcggtgt tccctctggc cccttgcagc 840

agaagcacca gcgaatctac agccgccctg ggctgcctcg tgaaggacta ctttcccgag 900

cccgtgaccg tgtcctggaa ctctggcgct ctgacaagcg gcgtgcacac ctttccagcc 960

gtgctccaga gcagcggcct gtactctctg agcagcgtcg tgacagtgcc cagcagcagc 1020

ctgggcacca agacctacac ctgtaacgtg gaccacaagc ccagcaacac caaggtggac 1080

aagcgggtgg aatctaagta cggccctccc tgccctcctt gcccagcccc tgaatttctg 1140

ggcggaccct ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 1200

accccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccagg aagatcccga ggtgcagttc 1260

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagcccag agaggaacag 1320

ttcaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 1380

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aagggcctgc ccagctccat cgagaaaacc 1440

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgag cctcaagtgt gtaccctgcc ccctagccag 1500

gaagagatga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctaccccagc 1560

gacattgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1620

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgaccgt ggacaagagc 1680

cggtggcagg aaggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1740

tacacccaga agtccctgtc tctgtccctg ggcaag 1776

<210> 437

<211> 1029

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 437

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360

atcgtgatga cccagacccc cctgagcctg agcgtgacac ctggacagcc tgccagcatc 420

agctgcaaga gcagccagag cctggtgcac aacaacgcca acacctacct gagctggtat 480

ctgcagaagc ccggccagag cccccagtcc ctgatctaca aggtgtccaa cagattcagc 540

ggcgtgcccg acagattctc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaagatcagc 600

cgggtggaag ccgaggacgt gggcgtgtac tattgtggcc agggcaccca gtacccttc 660

acctttggca gcggcaccaa ggtggaaatc aagaccaagg gccccagccg tacggtggcc 720

gctcccagcg tgttcatctt cccacctagc gacgagcagc tgaagtccgg cacagcctct 780

gtcgtgtgcc tgctgaacaa cttctacccc cgcgaggcca aagtgcagtg gaaggtggac 840

aacgccctgc agagcggcaa cagccaggaa agcgtgaccg agcaggacag caaggactcc 900

acctacagcc tgagcagcac cctgacactg agcaaggccg actacgagaa gcacaaggtg 960

tacgcctgcg aagtgaccca ccagggcctg tctagccccg tgaccaagag cttcaaccgg 1020

ggcgagtgt 1029

<210> 438

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 438

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 439

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 439

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala

100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln

145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser

165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser

195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210

<210> 440

<211> 599

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 440

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala

20 25 30

Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val

115 120 125

```
His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val
    130                 135                 140
Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu

145                 150                 155                 160
His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp
                165                 170                 175
Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala
            180                 185                 190
Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
        195                 200                 205
Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys

    210                 215                 220
Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly
225                 230                 235                 240
Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe
                245                 250                 255
Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr
            260                 265                 270
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg

        275                 280                 285
Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
    290                 295                 300
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
305                 310                 315                 320
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
                325                 330                 335
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr

            340                 345                 350
Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
        355                 360                 365
Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
```

370 375 380

Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys

385 390 395 400

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val

405 410 415

Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp

420 425 430

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe

435 440 445

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp

450 455 460

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu

465 470 475 480

Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg

485 490 495

Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys

500 505 510

Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

515 520 525

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys

530 535 540

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser

545 550 555 560

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser

565 570 575

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser

580 585 590

Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

595

<210> 441

<211> 341

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 441

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu

115 120 125

Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln
130 135 140

Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln
145 150 155 160

Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg
165 170 175

Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

180 185 190

Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr
195 200 205

Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr

210 215 220

Lys Val Glu Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr

245 250 255

Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys

260 265 270

Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu

275 280 285

Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser

290 295 300

Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala

305 310 315 320

Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe

325 330 335

Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 442

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 442

caggtgcagc tggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180

gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240

atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300

tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 443

<211> 642

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 443

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180

agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240

gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300

ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360

agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420

ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540

ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600

ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

<210> 444

<211> 1797

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 444

caggtgcagc tggtggaatc tggcggcgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60

agctgtgccg ccagcggctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120

cctggaaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180

tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240

ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300

gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360

agtgacaaaa cccataccca ggtgcacctg acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct 420

ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg 480

cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag 540

ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga 600

agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac 660

tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg agagactacg ccctgtacga cgatgacggc 720

gccctgaact gggccgtgga tgtggactac ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc 780

acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc cacaccgcca gcacaaaggg cccatcggtg 840

ttccctctgg ccccttgcag cagaagcacc agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc 900

gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc 960

ggcgtgcaca cctttccagc cgtgctccag agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc 1020

gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag 1080

cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct 1140

tgcccagccc ctgaatttct gggcggaccc tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag 1200

gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa gtgacctgcg tggtggtgga tgtgtcccag 1260

gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac gtggacggcg tggaagtgca caacgccaag 1320

accaagccca gagaggaaca gttcaacagc acctaccggg tggtgtccgt gctgaccgtg 1380

ctgcaccagg actggctgaa cggcaaagag tacaagtgca aggtgtccaa caagggcctg 1440

cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag gccaagggcc agccccgcga gcctcaagtg 1500

tgtaccctgc cccctagcca ggaagagatg accaagaacc aggtgtccct gagctgtgcc 1560

gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc gtggaatggg agagcaacgg ccagcccgag 1620

aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg gacagcgacg gctcattctt cctggtgtcc 1680

aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg 1740

cacgaggccc tgcacaacca ctacacccag aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1797

<210> 445

<211> 1023

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 445

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgacatcgtg 360

atgacccaga ccccccctgag cctgagcgtg acacctggac agcctgccag catcagctgc 420

aagagcagcc agagcctggt gcacaacaac gccaacacct acctgagctg gtatctgcag 480

aagcccggcc agagccccca gtccctgatc tacaaggtgt ccaacagatt cagcggcgtg 540

cccgacagat tctccggcag cggctctggc accgacttca ccctgaagat cagccgggtg 600

gaagccgagg acgtgggcgt gtactattgt ggccagggca cccagtaccc cttcaccttt 660

ggcagcggca ccaaggtgga aatcaaggat aagacccata cccgtacggt ggccgctccc 720

agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg 780

tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc 840

ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg accgagcagg acagcaagga ctccacctac 900

agcctgagca gcaccctgac actgagcaag gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc 960

tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag 1020

tgt 1023

<210> 446

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 446

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr

20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 447

<211> 218

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 447

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
20 25 30

Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
65 70 75 80

Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
85 90 95

Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
100 105 110

Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln

115 120 125

Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
130 135 140

Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
145 150 155 160

Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
165 170 175

Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys

180 185 190

His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro

195 200 205

Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210 215

<210> 448

<211> 592

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 448

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr

20 25 30

Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe

50 55 60

Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp

100 105 110

Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu

115 120 125

Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val

130 135 140

Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu

145 150 155 160

Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met
165 170 175
His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln
180 185 190
Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
195 200 205

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
210 215 220
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
225 230 235 240
Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
245 250 255
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
260 265 270

Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala
275 280 285
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
290 295 300
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
305 310 315 320
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
325 330 335

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His
340 345 350
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly
355 360 365
Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
370 375 380
Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
385 390 395 400

Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro

405 410 415

Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala

420 425 430

Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val

435 440 445

Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr

450 455 460

Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr

465 470 475 480

Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu

485 490 495

Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys

500 505 510

Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser

515 520 525

Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp

530 535 540

Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser

545 550 555 560

Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala

565 570 575

Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

580 585 590

<210> 449

<211> 343

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 449

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn

20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly

85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His

115 120 125

Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser

130 135 140

Ser His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr

145 150 155 160

Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser

165 170 175

Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp

180 185 190

Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly

195 200 205

Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln

210 215 220

Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala

225 230 235 240

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser

245 250 255

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu

260 265 270

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser

275 280 285

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu

290 295 300

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val

305 310 315 320

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys

325 330 335

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 450

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 450

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60

acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120

cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180

cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300

tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 451

<211> 654

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 451

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctcctggaca gagggccacc 60

atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120

cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180

ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240

cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300

acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420

aacaacttct accccgcga ggccaaggtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540

agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

<210> 452

<211> 1776

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 452

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tcttctcagg tgcagctggt ggaatctggc ggcggagtgg tgcagcctgg cagaagcctg 480

agactgagct gtgccgccag cggcttcacc ttcaccaagg cctggatgca ctgggtgcgc 540

caggcccctg gaaagcagct ggaatgggtg gcccagatca aggacaagag caacagctac 600

gccacctact acgccgacag cgtgaagggc cggttcacca tcagccggga cgacagcaag 660

aacaccctgt acctgcagat gaacagcctg cgggccgagg acaccgccgt gtactactgt 720

cggggcgtgt actatgccct gagccccttc gattactggg gccagggaac cctcgtgacc 780

gtgtctagtc ggaccgcttc gaccaagggc ccatcggtgt tccctctggc cccttgcagc 840

agaagcacca gcgaatctac agccgccctg ggctgcctcg tgaaggacta ctttcccgag 900

cccgtgaccg tgtcctggaa ctctggcgct ctgacaagcg gcgtgcacac ctttccagcc 960

gtgctccaga gcagcggcct gtactctctg agcagcgtcg tgacagtgcc cagcagcagc 1020

ctgggcacca agacctacac ctgtaacgtg gaccacaagc ccagcaacac caaggtggac 1080

aagcgggtgg aatctaagta cggccctccc tgccctcctt gcccagcccc tgaatttctg 1140

ggcggaccct ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 1200

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccagg aagatcccga ggtgcagttc 1260

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagcccag agaggaacag 1320

ttcaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 1380

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aagggcctgc ccagctccat cgagaaaacc 1440

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgag cctcaagtgt gtaccctgcc ccctagccag 1500

gaagagatga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctaccccagc 1560

gacattgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1620

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgaccgt ggacaagagc 1680

cggtggcagg aaggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1740

tacacccaga agtccctgtc tctgtccctg ggcaag 1776

<210> 453

<211> 1029

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 453

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360

ttcgtgctga cccagagccc tcacagcctg agcgtgacac ctggcgagag cgccagcatc 420

agctgcaaga gcagccactc cctgatccac ggcgaccgga acaactacct ggcttggtac 480

gtgcagaagc ccggcagatc cccccagctg ctgatctacc tggccagcag cagagccagc 540

ggcgtgcccg atagattttc tggcagcggc agcgacaagg acttcaccct gaagatcagc 600

cgggtggaaa ccgaggacgt gggcacctac tactgtatgc agggcagaga gagcccctgg 660

acctttggcc agggcaccaa ggtggacatc aagaccaagg gccccagccg tacggtggcc 720

gctcccagcg tgttcatctt cccacctagc gacgagcagc tgaagtccgg cacagcctct 780

gtcgtgtgcc tgctgaacaa cttctacccc cgcgaggcca aagtgcagtg gaaggtggac 840

aacgccctgc agagcggcaa cagccaggaa agcgtgaccg agcaggacag caaggactcc 900

acctacagcc tgagcagcac cctgacactg agcaaggccg actacgagaa gcacaaggtg 960

tacgcctgcg aagtgaccca ccagggcctg tctagccccg tgaccaagag cttcaaccgg 1020

ggcgagtgt 1029

<210> 454

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 454

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
260 265 270
Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
275 280 285
Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
290 295 300
Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
325 330 335
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
340 345 350
Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
355 360 365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385 390 395 400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
405 410 415
Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
420 425 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
435 440 445

<210> 455
<211> 218
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct

<400> 455

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
20 25 30

Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
65 70 75 80

Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
85 90 95

Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
100 105 110

Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
115 120 125

Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
130 135 140

Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
145 150 155 160

Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
165 170 175

Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
180 185 190

His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
195 200 205

Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 456

<211> 599

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 456

```
Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1               5                  10                  15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
            20                  25                  30
Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
    50                  55                  60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80

Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
            100                 105                 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
        115                 120                 125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
    130                 135                 140

His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro
145                 150                 155                 160
Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr
                165                 170                 175
Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu
            180                 185                 190
Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr
        195                 200                 205

Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
```

210 215 220

Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala
225 230 235 240

Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr
245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr
260 265 270

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg
275 280 285

Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
290 295 300

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
305 310 315 320

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
325 330 335

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr
340 345 350

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
355 360 365

Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
370 375 380

Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
385 390 395 400

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
405 410 415

Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp
420 425 430

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe
435 440 445

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
450 455 460

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu
465 470 475 480
Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
485 490 495
Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys
500 505 510
Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
515 520 525

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
530 535 540
Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
545 550 555 560
Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser
565 570 575
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
580 585 590

Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
595

<210> 457
<211> 341
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 457
Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
20 25 30
Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu
115 120 125

Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His
130 135 140

Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln
145 150 155 160

Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg
165 170 175

Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp
180 185 190

Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr
195 200 205

Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr
210 215 220

Lys Val Asp Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro
225 230 235 240

Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
245 250 255

Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
260 265 270

Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
275 280 285

Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
290 295 300

Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
305 310 315 320
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
325 330 335
Asn Arg Gly Glu Cys
340

<210> 458
<211> 1341
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 458

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60
acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120

cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720
ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 459

<211> 654

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 459

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctcctggaca gagggccacc 60

atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120

cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180

ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240

cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300

acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420

aacaacttct accccccgcga ggccaaggtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540

agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

<210> 460

<211> 1797

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 460

caggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120

ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240

ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300

aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggccgtg 360

gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420

tctgacaaaa cccataccca ggtgcagctg gtggaatctg gcggcggagt ggtgcagcct 480

ggcagaagcc tgagactgag ctgtgccgcc agcggcttca ccttcaccaa ggcctggatg 540

cactgggtgc gccaggcccc tggaaagcag ctggaatggg tggcccagat caaggacaag 600

agcaacagct acgccaccta ctacgccgac agcgtgaagg gccggttcac catcagccgg 660

gacgacagca agaacaccct gtacctgcag atgaacagcc tgcgggccga ggacaccgcc 720

gtgtactact gtcggggcgt gtactatgcc ctgagcccct tcgattactg gggccaggga 780

accctcgtga ccgtgtctag tgataagacc cacaccgctt cgaccaaggg cccatcggtg 840

ttccctctgg ccccttgcag cagaagcacc agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc 900

gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc 960

ggcgtgcaca cctttccagc cgtgctccag agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc 1020

gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag 1080

cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct 1140

tgcccagccc ctgaatttct gggcggaccc tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag 1200

gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa gtgacctgcg tggtggtgga tgtgtcccag 1260

gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac gtggacggcg tggaagtgca caacgccaag 1320

accaagccca gagaggaaca gttcaacagc acctaccggg tggtgtccgt gctgaccgtg 1380

ctgcaccagg actggctgaa cggcaaagag tacaagtgca aggtgtccaa caagggcctg 1440

cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag gccaagggcc agccccgcga gcctcaagtg 1500

tgtaccctgc cccctagcca ggaagagatg accaagaacc aggtgtccct gagctgtgcc 1560

gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc gtggaatggg agagcaacgg ccagcccgag 1620

aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg gacagcgacg gctcattctt cctggtgtcc 1680

aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg 1740

cacgaggccc tgcacaacca ctacacccag aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1797

<210> 461

<211> 1023

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 461

gacatcgtga tgacccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60

atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120

tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180

agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300

ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaaggaca aaacccatac cgacttcgtg 360

ctgacccaga gccctcacag cctgagcgtg acacctggcg agagcgccag catcagctgc 420

aagagcagcc actccctgat ccacggcgac cggaacaact acctggcttg gtacgtgcag 480

aagcccggca gatcccccca gctgctgatc tacctggcca gcagcagagc cagcggcgtg 540

cccgatagat tttctggcag cggcagcgac aaggacttca ccctgaagat cagccgggtg 600

gaaaccgagg acgtgggcac ctactactgt atgcagggca gagagagccc ctggaccttt 660

ggccagggca ccaaggtgga catcaaggat aagacccata cccgtacggt ggccgctccc 720

agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg 780

tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc 840

ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg accgagcagg acagcaagga ctccacctac 900

agcctgagca gcaccctgac actgagcaag gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc 960

tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag 1020

tgt 1023

<210> 462

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 462

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr

20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
35 40 45
Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95
Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
210 215 220
Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
225 230 235 240
Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
260 265 270
Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440 445

<210> 463

<211> 218

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 463

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr

20 25 30

Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn

65 70 75 80

Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg

85 90 95

Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg

100 105 110

Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln

115 120 125

Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr

130 135 140

Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser

145 150 155 160

Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr

165 170 175

Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys

180 185 190

His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro

195 200 205

Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210 215

<210> 464

<211> 592

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 464

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
20 25 30
Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val His Leu Thr Gln
115 120 125
Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys
130 135 140

Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg
145 150 155 160
Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu
165 170 175
Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile
180 185 190
Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu
195 200 205

Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His
210 215 220
Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp
225 230 235 240
Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly
245 250 255

Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
260 265 270

Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala
275 280 285

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
290 295 300

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
305 310 315 320

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
325 330 335

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His
340 345 350

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly
355 360 365

Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
370 375 380

Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
385 390 395 400

Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro
405 410 415

Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
420 425 430

Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val
435 440 445

Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
450 455 460

Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr
465 470 475 480

Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu
485 490 495

Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys

500 505 510

Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser

515 520 525

Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp

530 535 540

Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser

545 550 555 560

Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala

565 570 575

Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

580 585 590

<210> 465

<211> 343

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 465

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu

115 120 125

Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser

130 135 140

Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr

145 150 155 160

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser

165 170 175

Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

180 185 190

Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly

195 200 205

Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser

210 215 220

Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala

225 230 235 240

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser

245 250 255

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu

260 265 270

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser

275 280 285

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu

290 295 300

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val

305 310 315 320

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys

325 330 335

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 466

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 466

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60

acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120

cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180

cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300

tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacaccttтc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 467

<211> 654

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 467

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctcctggaca gagggccacc 60

atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120

cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180

ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240

cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300

acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420

aacaacttct accccccgcga ggccaaggtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540

agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

<210> 468

<211> 1776

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 468

caggtgcagc tggtggaatc tggcggcgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60

agctgtgccg ccagcggctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120

cctggaaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180

tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240

ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300

gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360

agtagccagg tgcacctgac acagagcgga cccgaagtgc ggaagcctgg cacctctgtg 420

aaggtgtcct gcaaggcccc tggcaacacc ctgaaaacct acgacctgca ctgggtgcgc 480

agcgtgccag gacagggact gcagtggatg ggctggatca gccacgaggg cgacaagaaa 540

gtgatcgtgg aacggttcaa ggccaaagtg accatcgact gggacagaag caccaacacc 600

gcctacctgc agctgagcgg cctgacctct ggcgataccg ccgtgtacta ctgcgccaag 660

ggcagcaagc accggctgag agactacgcc ctgtacgacg atgacggcgc cctgaactgg 720

gccgtggatg tggactacct gagcaacctg gaattctggg gccagggcac agccgtgacc 780

gtgtcatctc ggaccgccag cacaaagggc ccatcggtgt tccctctggc cccttgcagc 840

agaagcacca gcgaatctac agccgccctg ggctgcctcg tgaaggacta ctttcccgag 900

cccgtgaccg tgtcctggaa ctctggcgct ctgacaagcg gcgtgcacac ctttccagcc 960

gtgctccaga gcagcggcct gtactctctg agcagcgtcg tgacagtgcc cagcagcagc 1020

ctgggcacca agacctacac ctgtaacgtg gaccacaagc ccagcaacac caaggtggac 1080

aagcgggtgg aatctaagta cggccctccc tgccctcctt gcccagcccc tgaatttctg 1140

ggcggaccct ccgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 1200

acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccagg aagatcccga ggtgcagttc 1260

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagcccag agaggaacag 1320

ttcaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 1380

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aagggcctgc ccagctccat cgagaaaacc 1440

atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgag cctcaagtgt gtaccctgcc ccctagccag 1500

gaagagatga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctaccccagc 1560

gacattgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1620

cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgaccgt ggacaagagc 1680

cggtggcagg aaggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1740

tacacccaga agtccctgtc tctgtccctg ggcaag 1776

<210> 469

<211> 1029

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 469

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360

atcgtgatga cccagacccc cctgagcctg agcgtgacac ctggacagcc tgccagcatc 420

agctgcaaga gcagccagag cctggtgcac aacaacgcca acacctacct gagctggtat 480

ctgcagaagc ccggccagag cccccagtcc ctgatctaca aggtgtccaa cagattcagc 540

ggcgtgcccg acagattctc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaagatcagc 600

cgggtggaag ccgaggacgt gggcgtgtac tattgtggcc agggcaccca gtacccttc 660

acctttggca gcggcaccaa ggtggaaatc aagaccaagg gccccagccg tacggtggcc 720

gctcccagcg tgttcatctt cccacctagc gacgagcagc tgaagtccgg cacagcctct 780

gtcgtgtgcc tgctgaacaa cttctacccc cgcgaggcca aagtgcagtg gaaggtggac 840

aacgccctgc agagcggcaa cagccaggaa agcgtgaccg agcaggacag caaggactcc 900

acctacagcc tgagcagcac cctgacactg agcaaggccg actacgagaa gcacaaggtg 960

tacgcctgcg aagtgaccca ccagggcctg tctagccccg tgaccaagag cttcaaccgg 1020

ggcgagtgt 1029

<210> 470

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 470

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro

210 215 220

Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
340 345 350
Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
355 360 365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385 390 395 400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
405 410 415
Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
420 425 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
435 440 445

<210> 471
<211> 218
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 471
Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
20 25 30
Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala

50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
65 70 75 80
Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg

85 90 95

Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg

100 105 110

Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln

115 120 125

Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr

130 135 140

Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser

145 150 155 160

Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr

165 170 175

Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys

180 185 190

His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro

195 200 205

Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210 215

<210> 472

<211> 599

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 472

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala

20 25 30

Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val
115 120 125
His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val
130 135 140

Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu
145 150 155 160
His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp
165 170 175
Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala
180 185 190
Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
195 200 205

Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys
210 215 220
Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly
225 230 235 240
Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe
245 250 255
Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr
260 265 270

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg
275 280 285
Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
290 295 300
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

305 310 315 320

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

325 330 335

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr

340 345 350

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

355 360 365

Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro

370 375 380

Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys

385 390 395 400

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val

405 410 415

Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp

420 425 430

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe

435 440 445

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp

450 455 460

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu

465 470 475 480

Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg

485 490 495

Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys

500 505 510

Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

515 520 525

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys

530 535 540

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser

545 550 555 560

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser
565 570 575
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
580 585 590

Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
595

<210> 473
<211> 341
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 473

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105 110

Asp Lys Thr His Thr Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu
115 120 125
Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln
130 135 140
Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln

145 150 155 160

Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg

165 170 175

Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

180 185 190

Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr

195 200 205

Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr

210 215 220

Lys Val Glu Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr

245 250 255

Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys

260 265 270

Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu

275 280 285

Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser

290 295 300

Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala

305 310 315 320

Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe

325 330 335

Asn Arg Gly Glu Cys

340

<210> 474

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 474

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60

acctgtaccg tgtccggctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120

cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180

cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240

aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300

tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360

gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420

tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540

ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600

tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660

aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900

cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080

aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140

tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca ccccccctgt gctggacagc 1200

gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 475

<211> 654

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 475

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctcctggaca gagggccacc 60

atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120

cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180

ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240

cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300

acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420

aacaacttct accccccgcga ggccaaggtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480

ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540

agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600

acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

<210> 476

<211> 1797

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 476

caggtgcagc tggtggaatc tggcggcgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60

agctgtgccg ccagcggctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120

cctggaaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180

tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240

ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300

gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360

agtgacaaaa cccataccca ggtgcacctg acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct 420

ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg 480

cactgggtgc gcagcgtgcc aggacaggga ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag 540

ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga 600

agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac 660

tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg agagactacg ccctgtacga cgatgacggc 720

gccctgaact gggccgtgga tgtggactac ctgagcaacc tggaattctg gggccagggc 780

acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc cacaccgcca gcacaaaggg cccatcggtg 840

ttccctctgg ccccttgcag cagaagcacc agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc 900

gtgaaggact actttcccga gcccgtgacc gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc 960

ggcgtgcaca cctttccagc cgtgctccag agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc 1020

gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag 1080

cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct 1140

tgcccagccc ctgaatttct gggcggaccc tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag 1200

gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa gtgacctgcg tggtggtgga tgtgtcccag 1260

gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac gtggacggcg tggaagtgca caacgccaag 1320

accaagccca gagaggaaca gttcaacagc acctaccggg tggtgtccgt gctgaccgtg 1380

ctgcaccagg actggctgaa cggcaaagag tacaagtgca aggtgtccaa caagggcctg 1440

cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag gccaagggcc agccccgcga gcctcaagtg 1500

tgtaccctgc cccctagcca ggaagagatg accaagaacc aggtgtccct gagctgtgcc 1560

gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc gtggaatggg agagcaacgg ccagcccgag 1620

aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg gacagcgacg gctcattctt cctggtgtcc 1680

aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg 1740

cacgaggccc tgcacaacca ctacacccag aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1797

<210> 477

<211> 1023

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 477

gacttcgtgc tgacccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60

atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120

tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180

agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240

agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300

tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaacccatac cgacatcgtg 360

atgacccaga ccccccctgag cctgagcgtg acacctggac agcctgccag catcagctgc 420

aagagcagcc agagcctggt gcacaacaac gccaacacct acctgagctg gtatctgcag 480

aagcccggcc agagccccca gtccctgatc tacaaggtgt ccaacagatt cagcggcgtg 540

cccgacagat tctccggcag cggctctggc accgacttca ccctgaagat cagccgggtg 600

gaagccgagg acgtgggcgt gtactattgt ggccagggca cccagtaccc cttcaccttt 660

ggcagcggca ccaaggtgga aatcaaggat aagacccata cccgtacggt ggccgctccc 720

agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg 780

tgcctgctga acaacttcta cccccgcgag gccaaagtgc agtggaaggt ggacaacgcc 840

ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg accgagcagg acagcaagga ctccacctac 900

agcctgagca gcaccctgac actgagcaag gccgactacg agaagcacaa ggtgtacgcc 960

tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag 1020

tgt 1023

<210> 478

<400> 478

000

<210> 479

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 479

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 480

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 480

Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr

1 5

<210> 481

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 481

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val

1 5 10

<210> 482

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 482

Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr Gly

1 5

<210> 483

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 483

Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr

1 5

<210> 484

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 484

Ala Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp

1 5 10

<210> 485

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 485

Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp

1 5

<210> 486

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 486

Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser

1 5

<210> 487

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 487

Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 488

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 488

Gln Asn Ile Tyr Val Trp

1 5

<210> 489

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 489

Lys Ala Ser

1

<210> 490

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 490

Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 491

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 491

Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Val Thr Ser Leu

1 5 10

<210> 492

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 492

Ala Ala Ser

1

<210> 493

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 493

Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro Tyr Thr

1 5

<210> 494

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 494

Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr

1 5 10

<210> 495

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 495

Lys Val Ser

1

<210> 496

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 496

Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro

1 5

<210> 497

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 497

Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu Gln

1 5 10 15

<210> 498

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 498

Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro Pro Gly Glu Glu

1 5 10 15

Tyr Phe Gln Asp

20

<210> 499

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 499

Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr

1 5

<210> 500

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 500

Ser Leu Arg Ser His Tyr

1 5

<210> 501

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 501

Gly Lys Asn

1

<210> 502

<211> 121

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 502

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys

20 25 30

Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
65 70 75 80
Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
100 105 110
Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser
115 120

<210> 503
<211> 122
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 503
Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
20 25 30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe

50 55 60

Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala
115 120

<210> 504

<211> 131

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 504

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser

130

<210> 505

<211> 131

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 505

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala

20 25 30

Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

85 90 95

Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro

100 105 110

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile

115 120 125

Val Ser Ser

130

<210> 506

<211> 141

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 506

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr

20 25 30

Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe

50 55 60

Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser
130 135 140
<210> 507
<211> 145
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>

<223> Synthetic Construct
<400> 507
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val
50 55 60

Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr
100 105 110
Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu

115 120 125

Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser
130 135 140

Ser
145

<210> 508
<211> 132
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Synthetic Construct
<400> 508

Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys
50 55 60

Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80

Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95

Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu
100 105 110

Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val
115 120 125

Thr Val Ser Ser
130

<210> 509
<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 509

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 510

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 510

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr

20 25 30

Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

35 40 45

Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 511

<211> 121

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 511

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala

20 25 30

Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 512

<211> 103

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 512

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala

20 25 30

Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser

35 40 45

Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg

50 55 60

Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp

65 70 75 80

Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr

85 90 95

Lys Val Gln Val Asp Ile Lys

100

<210> 513

<211> 103

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 513

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys

100

<210> 514

<211> 103

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 514

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys
100

<210> 515

<211> 103

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 515

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys
100

<210> 516

<211> 103

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 516

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Ala Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys

100

<210> 517

<211> 103

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 517

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

His His Thr Ser Ser Val Glu Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala

65 70 75 80

Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg

85 90 95

Gly Ser Arg Leu His Ile Lys

100

<210> 518

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 518

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
1 5 10 15

Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
35 40 45

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
85 90 95

Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 519

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 519

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
20 25 30

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105 110

<210> 520

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 520

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu

85 90 95

Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu

100 105 110

<210> 521

<211> 105

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 521

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
1 5 10 15

Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
20 25 30

Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
35 40 45

Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
50 55 60

Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
65 70 75 80

Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
85 90 95

Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 522

<211> 107

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 522

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 523

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 523

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr

20 25 30

Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn

65 70 75 80

Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg

85 90 95

Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 524

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 524

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn

20 25 30

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly

85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 525

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 525

Asp Lys Thr His Thr

1 5

<210> 526

<211> 6

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 526

Thr Lys Gly Pro Ser Arg

1 5