(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2023-0093241
(43) 공개일자 2023년06월27일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C12N 9/24 (2006.01) *A61K 39/235* (2006.01)
A61P 25/16 (2006.01) *A61P 25/28* (2006.01)
C12N 15/86 (2006.01)
(52) CPC특허분류
C12N 9/2402 (2013.01)
A61K 39/235 (2013.01)
(21) 출원번호 10-2023-7006825
(22) 출원일자(국제) 2021년07월26일
심사청구일자 없음
(85) 번역문제출일자 2023년02월24일
(86) 국제출원번호 PCT/US2021/043216
(87) 국제공개번호 WO 2022/026409
국제공개일자 2022년02월03일
(30) 우선권주장
63/057,265 2020년07월27일 미국(US)

(71) 출원인
보이저 테라퓨틱스, 인크.
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 64
(72) 발명자
무랄리드하란 기리다르
미국 매사추세츠주 02148 맬던 윌리 스트리트 56 아파트먼트 2
브라운 제프리
미국 매사추세츠주 02053 메드웨이 릿지 로드 3
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
장훈

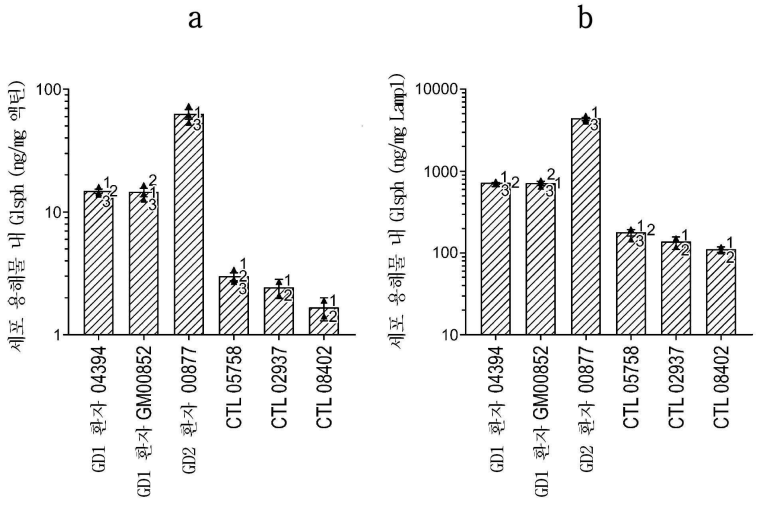
전체 청구항 수 : 총 54 항

(54) 발명의 명칭 **글루코실세라미데이스 베타 결핍증과 관련된 신경 장애의 치료를 위한 조성물 및 방법**

(57) 요 약

본 개시내용은 시험관내 및/또는 생체내인지 여부에 관계없이 GCase 단백질의 발현을 변경, 예를 들어, 향상시키기 위한 조성물 및 방법에 관한 것이다. 이러한 조성물은 아데노-관련 바이러스(AAV) 입자의 전달을 포함한다. 본 개시내용의 조성물 및 방법은 파킨슨병 또는 GBA 유전자 산물의 양 및/또는 기능의 결핍으로 발생하거나 또는 GCase 단백질의 감소된 발현 또는 단백질 수준과 관련된 관련 병태를 갖는 것으로 진단되거나 또는 갖는 것으로 의심되는 대상체의 치료에 유용하다.

대 표 도 - 도1ab



(52) CPC특허분류
A61P 25/16 (2018.01)
A61P 25/28 (2018.01)
C12N 15/86 (2013.01)
C12Y 302/01045 (2013.01)
(72) 발명자
놀 엘리자베스
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 64 보이저 테라퓨틱스, 인크. 내
슈 엔쥔
미국 매사추세츠주 01890 윈체스터 커넬 스트리트 43
베일즈 켈리
미국 매사추세츠주 01773-5112 링컨 콩코드 로드 23
호우 진자오
미국 매사추세츠주 02420 렉싱턴 타일러 로드 9
아델루이 아데베일
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 64 보이저 테라퓨틱스, 인크. 내
호프만 브렛
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 64 보이저 테라퓨틱스, 인크. 내
잭탭 스미타
미국 매사추세츠주 02176 멜로즈 웨스트 와이오밍 애비뉴 234

명 세 서

청구범위

청구항 1

단리된, 예를 들어, 재조합 핵산으로서, β-글루코세레브로시데이스(β-glucocerebrosidase: GBA) 단백질을 암호화하는 이식유전자(transgene)를 포함하되, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 90% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산.

청구항 2

제1항에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773과 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산.

청구항 3

제1항 또는 제2항에 있어서, 상응하는 miRNA가 발현되는 세포 또는 조직에서 상기 핵산에 의해 암호화되는 상기 GBA 단백질의 발현을 감소시키는 miR 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함하되, 선택적으로 암호화된 miRNA 결합 부위는 DRG, 간, 조혈 또는 이들의 조합의 세포 또는 조직에서 발현된 miRNA에 상보적인, 예를 들어, 완전히 상보적이거나 또는 부분적으로 상보적인, 단리된 핵산.

청구항 4

단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산을 포함하고, DRG, 간, 조혈 계통 또는 이들의 조합의 세포 또는 조직에서 암호화된 GBA 단백질의 발현을 조절, 예를 들어, 감소시키는 miR 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 5

제3항 또는 제4항에 있어서, 상기 암호화된 miR 결합 부위는 miR183 결합 부위, miR122 결합 부위, miR-142-3p 또는 이들의 조합을 포함하되, 선택적으로

(i) 상기 암호화된 miR183 결합 부위는 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

(ii) 상기 암호화된 miR122 결합 부위는 서열번호 1865의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1865의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 그리고/또는

(iii) 상기 암호화된 miR-142-3p 결합 부위는 서열번호 1869의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1869의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

청구항 6

제1항 내지 제3 및 제4항 또는 제5항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 핵산은 강화 요소를 추가로 암호화하되, 상기 암호화된 강화 요소는 다음 중 1개, 2개 또는 모두를 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈:

(a) 선택적으로 서열번호 1789, 1758, 1750, 1752, 1754, 1756 내지 1758, 1784 또는 1785의 아미노산 서열, 서열번호 1789, 1758, 1750, 1752, 1754, 1756 내지 1758, 1784 또는 1785에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열; 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 프로사포신 폴리펩타이드, 사포신 C 폴리펩타이드 또는 이의 기능적 단

편 또는 변이체;

(b) 선택적으로 서열번호 1794, 1796 또는 1798 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794, 1796 또는 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 세포 침투 펩타이드; 또는

(c) 선택적으로 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 라이소솜 표적화 서열.

청구항 7

단리된, 예를 들어, 재조합 핵산으로서, GBA 단백질 및 강화 요소를 암호화하는 이식유전자를 포함하되, 암호화된 강화 요소는 다음 중 1개, 2개 또는 모두를 포함하는, 단리된 핵산:

(a) 선택적으로 서열번호 1789 또는 1758의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체;

(b) 선택적으로 서열번호 1794, 1796 또는 1798 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794, 1796 또는 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 세포 침투 펩타이드; 또는

(c) 선택적으로 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 라이소솜 표적화 서열.

청구항 8

제6항 또는 제7항 및 제6항 중 어느 한 항에 있어서,

(i) 상기 암호화된 강화 요소는 1789의 아미노산 서열 또는 서열번호 1789에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하거나;

(ii) 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하거나;

(ii) 상기 암호화된 강화 요소는 1802의 아미노산 서열 또는 서열번호 1802에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하거나;

(iii) 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 1801의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1801에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하거나;

(iv) 상기 암호화된 강화 요소는 1794의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하거나; 또는

(v) 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 1793의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1793에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

청구항 9

제7항 또는 제8항 및 제4항 내지 제6항 또는 제8항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773, 1777 또는 1781 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 90%(예를 들어, 적어도 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

청구항 10

제6항 내지 제9항 및 제6항 또는 제8항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 암호화된 강화 요소 및 상기 암호화된 GBA 단백질은 직접(예를 들어, 링커 없이) 연결되거나 또는 암호화된 링커를 통해 연결되는, 단리된

핵산 또는 바이러스 게놈.

청구항 11

제10항에 있어서,

(i) 상기 암호화된 링커는 임의의 서열번호 1854, 1855, 1843, 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854, 1855, 1843, 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

(ii) 상기 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 표 2의 임의의 뉴클레오타이드 서열 또는 표 2의 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

(iii) 상기 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1724, 1726, 1729 또는 1730 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1724, 1726, 1729 또는 1730에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

(iv) 상기 암호화된 링커는 퓨린 절단 부위를 포함하고;

(v) 상기 암호화된 링커는 T2A 폴리펩타이드를 포함하고;

(vi) 상기 암호화된 링커는 (Gly4Ser)n 링커를 포함하되, n은 1 내지 10, 예를 들어, n은 3, 4 또는 5이고; 그리고/또는

(vii) 상기 암호화된 링커는 (Gly4Ser)3 링커를 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

청구항 12

제6항 내지 제11항 및 제6항 또는 제8항 내지 제11항 중 어느 한 항에 있어서,

(i) 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치하고; 그리고/또는

(ii) 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 3'에 위치하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

청구항 13

제1항 내지 제3항 또는 제5항 내지 제12항 및 제4항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제12항 중 어느 한 항에 있어서, 신호 서열을 추가로 암호화하되, 선택적으로,

(i) 암호화된 신호 서열은 서열번호 1853 또는 1857의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 그리고/또는

(ii) 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'; 그리고/또는 상기 암호화된 강화 요소에 대해 5'에 위치하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

청구항 14

제1항 내지 제3항 또는 제5항 내지 제13항 및 제4항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제13항 중 어느 한 항에 있어서,

(i) 상기 핵산은, 5'에서 3' 순서로, 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하거나; 또는

(ii) 상기 핵산은, 5'에서 3' 순서로, 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 및 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

청구항 15

제7항 내지 제13항 및 제4항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제13항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 핵산은 5'에서 3' 순서로 다음을 암호화하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈:

(i) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 및 서열번호 1800의 아미노산 서열 또는 서열번호 1800에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(ii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1802의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소; 및 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질;

(iii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 및 서열번호 1804의 아미노산 서열 또는 서열번호 1804에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(iv) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 및 서열번호 1806의 아미노산 서열 또는 서열번호 1806에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(v) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 및 서열번호 1798의 아미노산 서열 또는 서열번호 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(vi) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 및 서열번호 1794의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(vii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1785의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(viii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(ix) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열;

서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1758의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(x) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 및 서열번호 1796의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(xi) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1794의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 및 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질;

(xii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 및 서열번호 1808의 아미노산 서열 또는 서열번호 1808에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

(xiii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1802의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 강화 요소; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제2 강화 요소;

(xiv) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 서열번호 1798의 아미노산 서열 또는 서열번호 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제1 강화 요소; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노 서열을 포함하는 강화 요소; 또는

(xv) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1802의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 강화 요소; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 서열번호 1798의 아미노산 서열 또는 서열번호 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제1 강화 요소;

서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85% 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소.

청구항 16

단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 제1항 내지 제3항 및 제7항 내지 제15항 중 어느 한 항의 핵산에 작동 가능하게 연결된 프로모터를 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 17

제4항 내지 제6항 및 제7항 내지 제15항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 작동 가능하게 연결된 프로모터를 추가로 포함하되, 상기 프로모터는 조직 특이적 프로모터 또는 유비퀴터스 프로모터를 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 18

제16항 또는 제17항에 있어서, 상기 프로모터는,

(i) 닭 β-액틴(chicken β actin: CBA) 프로모터 및/또는 이의 유도체 CAG, EF-1a 프로모터, CMV 급초기 인핸서 및/또는 프로모터, β 글루쿠로니데이스(β glucuronidase: GUSB) 프로모터, 유비퀴틴 C(ubiquitin C: UBC) 프로모터, 뉴런-특이적 에놀레이스(neuron-specific enolase: NSE), 혈소판-유래 성장 인자(platelet-derived growth factor: PDGF) 프로모터, 혈소판-유래 성장 인자 B-사슬(platelet-derived growth factor B-chain: PDGF-β) 프로모터, 세포내 접착 분자 2(intercellular adhesion molecule 2: ICAM-2) 프로모터, 시냅신(Syn) 프로모터, 메틸-CpG 결합 단백질 2(methyl-CpG binding protein 2: MeCP2) 프로모터, Ca2+/칼모듈린-의존성 단백질 카이네이스 II(Ca2+/calmodulin-dependent protein kinase II: CaMKII) 프로모터, 대사성 글루타메이트 수용체 2(metabotropic glutamate receptor 2: mGluR2) 프로모터, 신경미세섬유 경쇄(neurofilament light: NFL) 또는 중쇄(neurofilament heavy: NFH) 프로모터, β-글로빈 미니유전자 nβ2 프로모터, 프리프로엔케팔린(preproenkephalin: PPE) 프로모터, 엔케팔린(enkephalin: Enk) 및 흥분성 아미노산 수송체 2(excitatory amino acid transporter 2: EAAT2), 신경교 섬유질 산성 단백질(glial fibrillary acidic protein: GFAP) 프로모터, 마이엘린 염기성 단백질(myelin basic protein: MBP) 프로모터, 심혈관 프로모터(예를 들어, αMHC, cTnT 및 CMV-MLC2k), 간 프로모터(예를 들어, hAAT, TBG), 골격근 프로모터(예를 들어, 데스민, MCK, C512) 또는 단편, 예를 들어, 절단 또는 이들의 기능적 변이체; 및/또는

(ii) 임의의 서열번호 1832, 1833, 1834, 1835, 1836, 1839, 1840의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열

을 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 19

제16항 내지 제18항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는,

(i) 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열; 또는

(ii) 서열번호 1839 또는 1840의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열

을 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 20

제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제19항 중 어느 한 항에 있어서, 선택적으로 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인핸서를 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 21

제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제20항 중 어느 한 항에 있어서, 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는

이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인핸서 및 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 프로모터를 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 22

제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제20항 중 어느 한 항에 있어서,

(i) 역 말단 반복(inverted terminal repeat: ITR) 서열로서, 선택적으로 상기 ITR 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자에 대해 5'에 위치하고/하거나 상기 ITR 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자에 대해 3'에 위치하는, 상기 역 말단 반복 서열;

(ii) 폴리아데닐화(폴리A) 신호 영역;

(iii) 인트론 영역;

(iv) 엑손 영역, 예를 들어, 적어도 1개, 2개 또는 3개의 엑손 영역;

(v) 코작 서열

을 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 23

제22항에 있어서,

(i) 상기 ITR은 서열번호 1829 또는 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하거나; 또는

(ii) 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 상기 핵산에 대해 5'에 위치하는 상기 ITR은 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 그리고/또는 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 상기 핵산에 대해 3'에 위치하는 상기 ITR은 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 24

제22항 또는 제23항에 있어서,

(i) 상기 폴리아데닐화(폴리A) 신호 영역은 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

(ii) 상기 인트론은 베타-글로빈 인트론을 포함하고; 그리고/또는

(iii) 상기 인트론은 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 25

제3항, 제5항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제24항 및 제4항 내지 6항 또는 제8항 내지 제24항 중 어느 한 항에 있어서, 다음을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈:

(i) 상기 암호화된 miR 결합 부위의 적어도 1개 내지 5개의 카피, 예를 들어, 적어도 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 카피;

(ii) 상기 암호화된 miR 결합 부위의 적어도 4개의 카피로서, 선택적으로 상기 4개의 카피 모두가 동일한 miR 결합 부위를 포함하거나 또는 적어도 1개, 2개, 3개 또는 모든 카피가 상이한 miR 결합 부위를 포함하되, 선택적으로 상기 암호화된 miR 결합 부위의 4개의 카피는 연속적, 예를 들어, 스페이서에 의해 분리되지 않거나; 또는 스페이서에 의해 분리되는, 상기 암호화된 miR 결합 부위의 적어도 4개의 카피.

청구항 26

제3항, 제5항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제25항 및 제4항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제25항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바이러스 게놈은 다음을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈:

(i) 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 암호화된 miR183 결합 부위;

(ii) 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 스페이서 서열;

(iii) 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 암호화된 miR183 결합 부위;

(iv) 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 스페이서 서열;

(v) 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제3 암호화된 miR183 결합 부위;

(vi) 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제3 스페이서 서열; 및

(vii) 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제4 암호화된 miR183 결합 부위.

청구항 27

단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 5'에서 3' 순서로 다음을 포함하는, 바이러스 게놈:

(i) 5' 아데노-관련(AAV) ITR로서, 선택적으로 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 5' AAV ITR;

(ii) CMVie 인핸서로서, 선택적으로 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CMVie 인핸서;

(iii) CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체, 선택적으로 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체;

(iv) 인트론으로서, 선택적으로 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 인트론;

(v) 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열로서, 선택적으로 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

(vi) GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자로서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 이식유전자;

(vii) 폴리A 신호 영역으로서, 선택적으로 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 폴리A 신호 영역; 및

(viii) 3' AAV ITR로서, 선택적으로 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 3' AAV ITR.

청구항 28

단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 5'에서 3' 순서로 다음을 포함하는, 바이러스 게놈:

(i) 5' 아데노-관련(AAV) ITR로서, 선택적으로 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 5' AAV ITR;

(ii) CMVie 인핸서로서, 선택적으로 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CMVie 인핸서;

(iii) CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체, 선택적으로 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체;

(iv) 인트론으로서, 선택적으로 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 인트론;

(v) 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열로서, 선택적으로 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

(vi) GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자로서, 선택적으로 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 이식유전자;

(vii) 암호화된 miR183 결합 부위로서, 선택적으로 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 암호화된 miR183 결합 부위;

(viii) 스페이서 서열로서, 선택적으로 상기 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 스페이서 서열;

(ix) 암호화된 miR183 결합 부위로서, 선택적으로 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 암호화된 miR183 결합 부위;

(x) 스페이서 서열로서, 선택적으로 상기 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 스페이서 서열;

(xi) 암호화된 miR183 결합 부위로서, 선택적으로 상기 암호화된 miR183 결합 부위는 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 암호화된 miR183 결합 부위;

(xii) 스페이서 서열로서, 선택적으로 상기 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 스페이서 서열;

(xiii) 암호화된 miR183 결합 부위로서, 선택적으로 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 암호화된 miR183 결합 부위;

(xiv) 폴리A 신호 영역으로서, 선택적으로 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 폴리A 신호 영역; 및

(xv) 3' AAV ITR로서, 선택적으로 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 3' AAV ITR.

청구항 29

제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제28항 중 어느 한 항에 있어서, 서열번호 1812, 1829, 1759 내지 1771, 1809 내지 1811, 1813 내지 1827 또는 1870의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

청구항 30

제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제29항 중 어느 한 항에 있어서,

(i) 단일 가닥이고;

(ii) 캡시드 단백질, 예를 들어, 구조 단백질을 암호화하는 핵산을 추가로 포함하되, 상기 캡시드 단백질은 VP1 폴리펩타이드, VP2 폴리펩타이드 및/또는 VP3 폴리펩타이드를 포함하고, 선택적으로 상기 VP1 폴리펩타이드, VP2 폴리펩타이드 및/또는 VP3 폴리펩타이드는 적어도 하나의 Cap 유전자에 의해 암호화되고; 그리고/또는

(iii) Rep 단백질, 예를 들어, 비구조 단백질을 암호화하는 핵산을 추가로 포함하되, 상기 Rep 단백질은 Rep78 단백질, Rep68, Rep52 단백질 및/또는 Rep40 단백질을 포함하고, 선택적으로 상기 Rep78 단백질, Rep68 단백질, Rep52 단백질 및/또는 Rep40 단백질은 적어도 하나의 Rep 유전자에 의해 암호화되는, 바이러스 게놈.

청구항 31

단리된, 예를 들어, 재조합 GBA 단백질로서, 제1항 내지 제3항 또는 제5항 내지 제15항 및 제4항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 단리된 핵산에 의해 암호화되는, GBA 단백질.

청구항 32

단리된, 예를 들어, 재조합 AAV 입자로서,

(i) 캡시드 단백질; 및

(ii) 제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈

을 포함하는, AAV 입자.

청구항 33

제32항에 있어서,

(i) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 138의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 90%의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

(ii) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 138의 아미노산 서열의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

(iii) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 11의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 90%의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

(iv) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 11의 아미노산 서열의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

(v) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 90%의 서열 동일성을 갖는 서열에 의해 암호화되는 아미노산 서열을 포함하고; 그리고/또는

(vi) 상기 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 90%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는, AAV 입자.

청구항 34

제32항 또는 제33항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은,

(i) 서열번호 138에 따라 넘버링된 K449번 위치에서의 아미노산 치환, 예를 들어, K449R 치환;

(ii) TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체로서, 선택적으로 서열번호 138에 따라 넘버링된 참조 서열에 대해 588번 위치 바로 뒤에 존재하는, 상기 삽입체;

(iii) 서열번호 138에 따라 넘버링된 587번 위치에 "A" 이외의 아미노산 및/또는 588번 위치에 "Q" 이외의 아미노산;

(iv) 서열번호 138에 따라 넘버링된 A587D 및/또는 Q588G의 아미노산 치환

을 포함하는, AAV 입자.

청구항 35

제32항 내지 제34항 중 어느 한 항에 있어서,

(i) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 1의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

(ii) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 1의 아미노산 서열에 대해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 포함하는 아미노산 서열을 포함하고;

(iii) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 2의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화되는 아미노산 서열을 포함하고; 그리고/또는

(iv) 상기 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 2의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, AAV 입자.

청구항 36

벡터로서, 제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈 또는 제1항 내지 제3항 및 제5항 내지 제15항 중 어느 한 항의 핵산을 포함하는, 벡터.

청구항 37

세포로서, 제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈, 제32항 내지 제35항 중 어느 한 항의 바이러스 입자 또는 제36항의 벡터를 포함하되, 선택적으로 상기 세포는 포유동물 세포, 예를 들어, HEK293 세포, 곤충 세포, 예를 들어, Sf9 세포 또는 세균 세포인, 세포.

청구항 38

단리된, 예를 들어, 재조합 AAV 입자를 제조하는 방법으로서,

(i) 제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈을 포함하는 숙주 세포를 제공하는 단계; 및

(ii) 상기 바이러스 게놈을 캡시드 단백질, 예를 들어, VOY101 캡시드 단백질에 밀봉시키기에 적합한 조건하에서 상기 숙주 세포를 인큐베이션하여

상기 단리된 AAV 입자를 제조하는 단계

를 포함하는, 방법.

청구항 39

약제학적 조성물로서, 제32항 내지 제35항 중 어느 한 항의 AAV 입자 또는 제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 및 약제학적으로 허용 가능한 부형제를 포함하는, 약제학적 조성물.

청구항 40

외인성 GBA 단백질을 대상체에게 전달하는 방법으로서, 유효량의 제39항의 약제학적 조성물, 제32항 내지 제35항 중 어느 한 항의 AAV 입자, 제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 또는 제1항 내지 제3항 및 제5항 내지 제15항 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 투여함으로써 상기 외인성 GBA 단백질을 상기 대상체에게 전달하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 41

제40항에 있어서, 상기 대상체는,

(i) GBA의 발현과 관련된 질환, 예를 들어, 비정상적 또는 감소된 GBA 발현, 예를 들어, GBA의 발현 유전자, GBA mRNA 및/또는 GBA 단백질; 또는

(ii) 신경퇴행성 장애 또는 신경근 장애

를 갖고 있거나, 갖고 있는 것으로 진단받았거나 또는 가질 위험이 있는, 방법.

청구항 42

GBA 발현과 관련된 질환을 갖고 있거나 또는 갖고 있는 것으로 진단받은 대상체를 치료하는 방법으로서, 유효량의 제39항의 약제학적 조성물, 제32항 내지 제35항 중 어느 한 항의 AAV 입자, 제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 또는 제1항 내지 제3항 및 제5항 내지 제15항 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 투여함으로써 상기 대상체에서 상기 GBA 발현과 관련된 질환을 치료하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 43

신경퇴행성 장애 또는 신경근 장애를 갖고 있거나 또는 갖고 있는 것으로 진단받은 대상체를 치료하는 방법으로서, 유효량의 제39항의 약제학적 조성물, 제32항 내지 제35항 중 어느 한 항의 AAV 입자, 제4항 내지 제6항 및 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 또는 제1항 내지 제3항 및 제5항 내지 제15항 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 투여함으로써 상기 대상체에서 상기 신경퇴행성 장애 또는 신경근 장애를 치료하는 단계를 포함하는, 방법.

청구항 44

제41항 내지 제43항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 GBA의 발현과 관련된 질환 또는 신경퇴행성 장애 또는 신경근 장애는 파킨슨병(Parkinson's Disease: PD), 루이소체 치매(dementia with Lewy Bodies: DLB), 고셔병(Gaucher disease: GD), 척수성 근위축증(Spinal muscular atrophy: SMA), 다계통 위축증(Multiple System Atrophy: MSA) 또는 다발성 경화증(Multiple sclerosis: MS)을 포함하는, 방법.

청구항 45

제44항에 있어서, 상기 PD는,

(i) GBA 유전자의 돌연변이와 관련이 있거나;

(ii) 조기 발병 PD(예를 들어, 50세 이전) 또는 청소년 PD(예를 들어, 20세 이전)이거나;

(iii) 진전 우세형, 자세 불안정 보행 장애 PD(postural instability gait difficulty: PIGD)이거나; 또는

(iv) 산발성 PD(예를 들어, 돌연변이와 관련되지 않은 PD)인, 방법.

청구항 46

제44항에 있어서, 상기 GD는,

(i) 신경병증성 GD(예를 들어, CNS의 세포 또는 조직, 예를 들어, 뇌 및/또는 척수의 세포 또는 조직에 영향을 미침), 비신경병증성 GD(예를 들어, CNS의 세포 또는 조직에 영향을 미치지 않음) 또는 이들의 조합이거나; 또는

(ii) 제I형 GD(GD1), 제2형 GD(GD2) 또는 제3형 GD(GD3)이되, 선택적으로 상기 GD1은 비신경병증성 GD이고, 상기 GD2는 신경병증성 GD인, 방법.

청구항 47

제40항 내지 제46항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대상체는,

(i) GBA 유전자, GBA mRNA 및/또는 GBA 단백질에 돌연변이를 갖고; 그리고/또는

(ii) 인간이되, 선택적으로 상기 대상체는 청소년(예를 들어, 6세 내지 20세) 또는 성인(예를 들어, 20세 이상)인, 방법.

청구항 48

제40항 내지 제47항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 AAV 입자는 정맥내로, 뇌내로, 시상하부(intrathalamic:

ITH) 투여를 통해, 근육내로, 척수강내로, 뇌실내로, 뇌실질내 투여를 통해, 예를 들어, 미세기포의 정맥내 투여와 결합된 집중 초음파(focused ultrasound: FUS)(FUS-MB) 또는 정맥내 투여와 결합된 MRI-유도 FUS를 통해, 대조내 주사(intra-cisterna magna injection: ICM)를 통해 또는 이중 ITH 및 ICM 투여를 통해 상기 대상체에게 투여되는, 방법.

청구항 49

제40항 내지 제48항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 AAV 입자는 정맥내 투여를 통해 투여되되, 선택적으로 상기 정맥내 투여는, 예를 들어, 미세기포의 정맥내 투여와 결합된 집중 초음파(FUS)(FUS-MB) 또는 정맥내 투여와 결합된 MRI-유도 FUS를 통한, 방법.

청구항 50

제40항 내지 제49항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 투여는 다음 중 적어도 하나, 둘 또는 모두를 증가시키는, 방법:

(i) 상기 대상체의 세포, 조직(예를 들어, CNS의 세포 또는 조직, 예를 들어, 피질, 선조체, 시상, 소뇌 및/또는 뇌간) 및/또는 체액(예를 들어, CSF 및/또는 혈청)에서의 GCase 활성 수준으로서, 선택적으로 참조 수준, 예를 들어, 치료를 받지 않은, 예를 들어, AAV 입자를 투여받지 않은 대상체에 비해 적어도 3배, 4배, 4.5배, 4.6배, 4.7배, 4.8배, 4.9배, 5배, 5.1배, 5.2배, 5.3배, 5.4배 또는 5.5배 증가하는, 상기 GCase 활성 수준;

(ii) 상기 대상체의 CNS 조직(예를 들어, 피질, 선조체, 시상, 소뇌, 뇌간 및/또는 척수)에서 세포당 바이러스 게놈(viral genome: VG)의 수준으로서, 선택적으로 상기 VG 수준은 말초 조직과 비교하여 세포당 50 VG를 초과로 증가하고, 세포당 상기 VG의 수준은, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 바와 같은 검정에 의해 측정된 바와 같이 상기 CNS 조직에서의 수준보다 적어도 4배 내지 10배 낮은, 상기 VG 수준; 그리고/또는

(iii) 세포 또는 조직(예를 들어, CNS의 세포 또는 조직, 예를 들어, 피질, 시상 및/또는 뇌간)에서의 GBA mRNA 발현의 수준으로서, 선택적으로, GBA mRNA의 수준은, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 바와 같은 검정에 의해 측정된 바와 같이 참조 수준, 예를 들어, 치료를 받지 않은(예를 들어, AAV 입자를 투여받지 않은) 대상체 또는 내인성 GBA mRNA 수준과 비교하여 적어도 100배 내지 1300배, 예를 들어, 100배, 200배, 500배, 600배, 850배, 900배, 950배, 1000배, 1050배, 1100배, 1150배, 1200배, 1250배 또는 1300배 증가하는, 상기 GBA mRNA 발현의 수준.

청구항 51

제40항 내지 제50항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 GBA 발현과 관련된 질환, 신경퇴행성 장애 및/또는 신경근 장애의 치료 또는 예방에 적합한 추가적인 치료제 및/또는 요법을 투여하는 단계를 더 포함하되, 선택적으로 상기 추가적인 치료제는 효소 대체 요법(enzyme replacement therapy: ERT)(예를 들어, 이미글루세레이스, 베라글루세레이스 알파 또는 탈리글루세레이스 알파); 기질 감소 요법(substrate reduction therapy: SRT)(예를 들어, 엘리글루스타트 또는 미글루스타트), 혈액 수혈, 레보도파, 카비도파, 사피나마이드, 도파민 효능제(예를 들어, 파라미펙솔, 로티고틴 또는 로피니롤), 항콜린제(예를 들어, 벤즈트로핀 또는 트라이헥시페니딜), 콜린에스터레이스 저해제(예를 들어, 리바스티그민, 도네페질 또는 갈란타민), N-메틸-d-아스파테이트(NMDA) 수용체 길항제(예를 들어, 메만틴) 또는 이들의 조합을 포함하는, 방법.

청구항 52

제1항 내지 제3항 또는 제5항 내지 제15, 제4항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제30항, 제32항 내지 제35항 및 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 약제의 제조에 사용하기 위한, 단리된 핵산, 바이러스 게놈, AAV 입자 또는 약제학적 조성물.

청구항 53

제1항 내지 제3항 또는 제5항 내지 제15, 제4항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제30항, 제32항 내지 제35항 및 제39항 중 어느 한 항에 있어서, GBA 발현과 관련된 질환, 신경근 및/또는 신경퇴행성 장애의 치료에 사용하기 위한, 단리된 핵산, 바이러스 게놈, AAV 입자 또는 약제학적 조성물.

청구항 54

GBA 발현과 관련된 질환, 신경근 및/또는 신경퇴행성 장애의 치료를 위한 약제의 제조에서의, 유효량의 제4항 내지 제6항 또는 제8항 내지 제30항 중 어느 한 항의 AAV 입자, 제1항 내지 제3항 및 제5항 내지 제15항 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 게놈을 포함하는 AAV 입자, 제32항 내지 제35항 중 어느 한 항의 AAV 입자 또는 제39항의 약제학적 조성물의 용도.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] **관련 출원**

[0002] 본 출원은 2020년 7월 27일자로 출원된 미국 특허 가출원 제63/057,265호의 우선권을 주장한다. 상기 출원의 전체 내용은 참조에 의해 본 명세서에 원용된다.

[0003] **서열 목록**

[0004] 본 출원은 전자 형식의 서열 목록과 함께 출원된다. 135333-00120_SL.txt라는 이름의 서열 목록 파일은 2021년 7월 23일에 생성되었으며, 크기는 6,773,307바이트이다. 전자 형식의 서열 목록에 있는 정보는 그 전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용된다.

[0005] **기술 분야**

[0006] 파킨슨병(Parkinson disease: PD) 및 고셔병과 루이소체 치매를 포함하는 관련 장애(집합적으로, "GBA-관련 장애")의 치료에 사용하기 위한 폴리뉴클레오타이드, 예를 들어, 글루코실세라미데이스 베타(glucosylceramidase beta: GBA) 단백질 및 펩타이드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드와 관련된 조성물 및 방법이 본 명세서에 기재된다. 일부 실시형태에서, 조성물은 아데노-관련 바이러스(adeno-associated virus: AAV) 벡터로 전달될 수 있다. 다른 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 조성물은 GBA-관련 장애 또는 GBA 단백질의 양 및/또는 기능의 결핍으로 인한 다른 병태로 진단된 인간 대상체와 같은 이를 필요로 하는 대상체를 치료하기 위해 또는 세포에서의 질환 또는 병태에 대한 연구 또는 이러한 질환 또는 병태의 동물 모델에서의 연구에서 연구 도구로서 사용될 수 있다.

배 경 기 술

[0007] D-글루코실-N-아실스핑고신 글루코하이드롤레이스인 일반적으로 글루코실세레브로시데이스 또는 GCase로 불리는 라이소솜성 산 글루코실세라미데이스는 당지질 대사에 중요한 라이소솜 막 단백질이다. 효소는 글루코실세라미데이스 베타(GBA) 유전자(Ensembl 유전자 ID 번호 ENSG00000177628)에 의해 암호화된다. 이 효소는 사포신 A 및 사포신 C와 함께 글루코실세라마이드를 세라마이드 및 글루코스로 가수분해하는 것을 촉매한다. 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Vaccaro, Anna Maria, *et al.* Journal of Biological Chemistry 272.27 (1997): 16862-16867]을 참조한다.

[0008] GBA의 돌연변이는 인간 대상체에서 질환을 일으키는 것으로 알려져 있다. 동종접합 또는 복합 이종접합 GBA 돌연변이는 고셔병(Gaucher disease: "GD")을 유발한다. 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Sardi, S. Pablo, Jesse M. Cedarbaum, and Patrik Brundin. Movement Disorders 33.5 (2018): 684-696]을 참조한다. 고셔병은 가장 널리 퍼져 있는 라이소솜 축적 장애 중 하나로, 일반 인구에서 100,000명당 0.4명 내지 5.8명의 표준화된 출생 발생률로 추정된다. 이종접합 GBA 돌연변이는 PD를 유발할 수 있다. 실제로, GBA 돌연변이는 전체 PD 환자의 7% 내지 10%에서 발생하며, GBA 돌연변이는 PD의 가장 중요한 유전적 위험 인자가 된다. PD-GBA 환자는 라이소솜 효소 베타-글루코세레브로시데이스(GCase)의 수준이 감소하여 글리코스핑고지질 글루코실세라마이드(glycosphingolipid glucosylceramide: GluCer)의 축적이 증가하며, 이는 결국 악화된 α-시누클레인 응집 및 수반되는 신경학적 증상과 상관관계가 있다. 고셔병 및 PD뿐만 아니라 루이소체 치매와 같은 루이소체 질환을 비롯한 기타 라이소솜 축적 장애 및 관련 질환은 경우에 따라 GBA 유전자에서 공통 병인을 공유한다. 전체 내용이 참조에 의해 원용되어 있는 문헌[Sidransky, E. and Lopez, G. Lancet Neurol. 2012 November; 11(11): 986-998]을 참조한다. 이러한 질환에 대해 제한된 치료 옵션이 있다.

[0009] 결과적으로, PD 및 기타 GBA-관련 장애를 치료하기 위한 약제학적 조성물 및 방법을 개발하고 GBA-관련 장애를 앓고 있는 환자에서 GCase 단백질의 결핍을 개선하기 위한 오랜 절실한 필요성이 남아있다.

발명의 내용

[0010] 본 개시내용은 환자에서 GCase 결핍을 치료하기 위한 AAV-기반 조성물 및 방법을 제공함으로써 이러한 문제를 해결한다. 기능 상실을 개선하고 세포내 지질 수송을 개선하기 위한 GCase의 AAV-기반 유전자 전달에 관한 조성물 및 방법이 본 명세서에 개시된다. 조성물 및 방법은 대상체(예를 들어, GBA 유전자에 돌연변이가 있는 대상체)에서 라이소솜 당지질 대사를 개선하고, PD 및 GBA-관련 장애(예를 들어, 루이소체 치매(dementia with Lewy Body: DLB), 고셔병(GD))의 신경퇴행성 증상 및 기타 증상을 늦추거나, 중단시키거나 또는 역전시키는 데 유용하다. β-글루코세레브로시데이스(GBA) 단백질은 때때로 본 명세서에서 GCase 단백질로도 지칭된다.

[0011] 따라서, 일 양태에서, 본 개시내용은 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자(transgene)를 포함하는 단리된, 예를 들어, 재조합 핵산을 제공하되, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열, 예를 들어, 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 핵산은 강화 요소, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 강화 요소를 추가로 암호화한다.

[0012] 또 다른 양태에서, 개시내용은 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자 및 강화 요소를 포함하는 단리된, 예를 들어, 재조합 핵산을 제공하되, 암호화된 강화 요소는 다음을 포함한다: 서열번호 1789 또는 1758의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 선택적으로 포함하는 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체; 서열번호 1794, 1796 또는 1798 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794, 1796 또는 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 선택적으로 포함하는 세포 침투 펩타이드; 및/또는 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 선택적으로 포함하는 라이소솜 표적화 서열.

[0013] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산을 포함하고, DRG, 간, 조혈 계통 또는 이들의 조합의 세포 또는 조직에서 암호화된 GBA 단백질의 발현을 조절, 예를 들어, 감소시키는 miR 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함하는 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈을 제공한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 miR183 결합 부위를 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 강화 요소, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 강화 요소를 추가로 암호화한다.

[0014] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 작동 가능하게 연결된 프로모터를 포함하는 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈을 제공한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 내부 말단 반복부(internal terminal repeat: ITR) 서열(예를 들어, 본 명세서에 기재된 ITR 영역), 인핸서(예를 들어, 본 명세서에 기재된 인핸서), 인트론 영역(예를 들어, 본 명세서에 기재된 인트론 영역), 코작(Kozak) 서열(예를 들어, 본 명세서에 기재된 코작 서열), 엑손 영역(예를 들어, 본 명세서에 기재된 엑손 영역), miR 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 본 명세서에 기재된 miR 결합 부위) 및/또는 폴리 A 신호 영역(예를 들어, 본 명세서에 기재된 폴리 A 신호 서열)을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 서열번호 1812 또는 1826의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 서열번호 1759 내지 1771, 1809 내지 1811 또는 1813 내지 1827 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0015] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 캡시드 단백질 및 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자에 작동 가능하게 연결된 프로모터(예를 들어, 본 명세서에 기재된 프로모터)를 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 단리된, 예를 들어, 재조합 AAV 입자를 제공한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 AAV 캡시드 단백질을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 VOY101 캡시드 단백질, AAV9 캡시드 단백질 또는 이들의 기능적 변이체를 포함한다.

[0016] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈을 만드는 방법을 제공한다. 방법은 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈을 암호화하는 핵산 및 세포, 예를 들어, 세균 세포(예를 들어, 백본 영역은 세균 복제 기점 및 선별 마커 중 하나 또는 두 다를 포함함)에서 바이러스 게놈의 복제에 적합한 백본 영역을 제공하는 단계 및, 예를 들어, 바이러스 게놈의 상류 및 하류에서 핵산 분자를 절단함으로써 백본 영역으로부터 바이러스를 절단하는 단계를 포함한다.

[0017] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 단리된, 예를 들어, 재조합 AAV 입자를 제조하는 방법을 제공한다. 방법은 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈을 포함하는 숙주 세포를 제공하는 단계 및 AAV 입자, 예를 들어, VOY101 캡시드 단백질을 밀봉하기에 적합한 조건하에 숙주 세포를 인큐베이션함으로써 단리된 AAV 입자를 제조하는 단계를 포함한다.

[0018] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 외인성 GBA 단백질을 대상체에게 전달하는 방법을 제공한다. 방법은 유효량의 본 명세서에 기재된 AAV 입자 또는 복수의 AAV 입자를 투여하는 단계를 포함하고, 상기 AAV 입자는 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함한다.

[0019] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 GBA 발현과 관련된 질환, 신경학적 장애 또는 신경근 장애가 있거나 또는 이를 갖는 것으로 진단된 대상체를 치료하는 방법을 제공한다. 방법은 유효량의 본 명세서에 기재된 AAV 입자 또는 복수의 AAV 입자를 투여하는 단계를 포함하고, 상기 AAV 입자는 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, GBA의 발현과 관련된 질환, 또는 신경퇴행성 장애 또는 신경근 장애는 파킨슨병(PD)(예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD), 루이소체 치매(DLB), 고셔병(GD), 척수성 근위축증(Spinal muscular atrophy: SMA), 다계통 위축증(Multiple System Atrophy: MSA) 또는 다발성 경화증(Multiple sclerosis: MS)을 포함한다.

[0020] 일부 양태에서, 본 개시내용은 적어도 하나의 역 말단 반복(inverted terminal repeat: ITR) 및 페이로드 영역을 포함하는 AAV 바이러스 게놈을 제공하되, 페이로드 영역은 GCase 펩타이드를 포함하는 하나 이상의 GCase 단백질을 암호화한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 5' ITR, 프로모터, GCase 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 페이로드 영역 및 3' ITR을 포함한다. 암호화된 단백질은 인간(호모 사피엔스(*Homo sapiens*)) GCase, 사이노몰구스 원숭이(마카카 파스시쿨라리스(*Macaca fascicularis*)) GCase 또는 레서스 원숭이(마카카 물라타(*Macaca mulatta*)) GCase, 합성(비-자연 발생적) GCase 또는 이들의 유도체, 예를 들어, 야생형 GCase 단백질의 하나 이상의 기능을 유지하는 변이체일 수 있다. 일부 실시형태에서, GCase는 적어도 부분적으로 인간화된 것일 수 있다.

[0021] 본 개시내용의 GCase는 사포신 단백질과 함께 발현될 수 있다. 일부 실시형태에서, GCase를 암호화하는 이식유전자는 사포신 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 사포신 단백질은 사포신 A(SapA)이다. 일부 실시형태에서, 사포신 단백질은 사포신 C(SapC)이다.

[0022] 바이러스 게놈은 AAV 입자에 혼입될 수 있되, AAV 입자는 바이러스 게놈 및 캡시드를 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드는 표 1에 나타낸 바와 같은 서열을 포함한다.

[0023] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자는 약제학적 조성물에 사용될 수 있다. 약제학적 조성물은 감소된 GCase 발현, 활성 또는 단백질 수준과 관련된 장애 또는 병태를 치료하는 데 사용될 수 있다. 일부 실시형태에서, 장애 또는 병태는 라이소솜 지질 축적 장애이다. 일부 실시형태에서, 감소된 GCase 단백질 수준과 관련된 장애 또는 병태는 PD(예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD), 고셔병(예를 들어, 제1형 GD(예를 들어, 비신경병증성 GD), 제2형(예를 들어, 급성 신경병증성 GD) 또는 제3형 GD) 또는 기타 GBA-관련 장애(예를 들어, 루이소체 치매(DLB))이다. 일부 실시형태에서, AAV 입자의 투여는 표적 세포에서 GCase 발현을 향상시킬 수 있다.

[0024] 일부 양태에서, 본 개시내용은 최적화된 GBA 이식유전자 카세트의 AAV 매개성 유전자 전달을 사용하여 환자에서 GCase 효소 활성을 증가시키는 방법을 제공한다. AAV 매개성 유전자 전달은 광범위한 CNS 분포를 달성하도록 최적화될 수 있으며, 이에 따라 기질 글리코스핑고지질 글루코실세라마이드/GluCer 수준 및 α-시누클레인 병리를 감소시키고 파킨슨병을 동반한 GBA 환자(GBA-PD), 고셔병(예를 들어, 제2형 또는 제3형 GD) 및 루이소체병을 비롯한 GBA-관련 장애가 있는 환자에서 질환 병인을 늦추거나 또는 역전시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 방법은 치료적 GCase 효소의 광범위한 세포-자율적 형질도입 및 교차-교정을 달성하기 위해 본 명세서에 기재된 바와 같이 최적화된 GBA 유전자 대체 이식유전자 카세트를 패키징하는 AAV 벡터의 선조체내(intrastriatal: ISTR) 또는 수조내(intracisternal: ICM) 투여를 포함한다.

[0025] 당업자라면 단지 일상적인 실험을 사용하여 본 명세서에 기재된 본 발명의 특정 실시형태에 대한 많은 등가물을 인식하거나 또는 확인할 수 있을 것이다. 이러한 동등물은 하기 열거된 실시형태에 포함되도록 의도된다.

[0026] **열거된 실시형태**

[0027] 1. 단리된, 예를 들어, 재조합 핵산으로서, β-글루코세레브로시데이스(GBA) 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하되, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열, 예를 들어, 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산.

[0028] 2. 실시형태 1에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773과 적어도 90% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산.

[0029] 3. 실시형태 1 또는 2에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773과 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산.

[0030] 4. 실시형태 1 내지 3 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산.

[0031] 5. 실시형태 1 내지 4 중 어느 하나에 있어서, 강화 요소를 추가로 포함하는, 단리된 핵산.

[0032] 6. 단리된, 예를 들어, 재조합 핵산으로서, β-글루코세레브로시데이스(GBA) 단백질을 암호화하는 이식유전자 및 강화 요소를 포함하되, 상기 암호화된 강화 요소는:

[0033] (a) 서열번호 1789 또는 1758의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 선택적으로 포함하는 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체;

[0034] (b) 서열번호 1794, 1796 또는 1798 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794, 1796 또는 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 선택적으로 포함하는 세포 침투 펩타이드; 및/또는

[0035] (c) 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 선택적으로 포함하는 라이소솜 표적화 서열

[0036] 을 포함하는, 단리된 핵산.

[0037] 7. 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, β-글루코세레브로시데이스(GBA) 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산을 포함하고, DRG, 간, 조혈 계통 또는 이들의 조합의 세포 또는 조직에서 암호화된 GBA 단백질을 조절, 예를 들어, 감소시키는 miR 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

[0038] 8. 실시형태 7에 있어서, 상기 핵산은 강화 요소를 추가로 암호화하는, 바이러스 게놈.

[0039] 9. 실시형태 5 또는 6 및 실시형태 8 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 강화 요소는 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체를 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0040] 10. 실시형태 5, 6 또는 9 및 실시형태 8 또는 9 중 어느 하나에 있어서,

[0041] (i) 상기 암호화된 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체는 서열번호 1789 또는 1758의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 그리고/또는

[0042] (ii) 상기 암호화된 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체를 암호화하는 상기 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1787 또는 1791의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0043] 11. 실시형태 5 또는 실시형태 8에 있어서,

[0044] (i) 상기 암호화된 강화 요소는 서열번호 1750, 1752, 1754, 1756 내지 1758, 1784 또는 1785 중 어느 하나의 아미노산 서열을 포함하고, 상기 아미노산 서열은 서열번호 1750, 1752, 1754, 1756 내지 1758, 1784 또는 1785 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖고; 그리고/또는

[0045] (ii) 상기 강화 요소를 암호화하는 상기 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1751, 1753, 1755, 1858 또는 1859 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0046] 12. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 11 및 실시형태 8 내지 11 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 강화 요소는 세포 침투 펩타이드를 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0047] 13. 실시형태 6 또는 12 및 실시형태 12 중 어느 하나에 있어서,

[0048] (i) 상기 세포 침투 펩타이드는 서열번호 1794, 1796 또는 1798 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794, 1796 또는 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

[0049] (ii) 상기 세포 침투 펩타이드를 암호화하는 상기 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1793, 1795 또는 1797 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 80%(예를 들어, 85%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0050] 14. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 13 및 실시형태 8 내지 13 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 강화 요소는 라이소솜 표적화 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0051] 15. 실시형태 6 또는 14 및 실시형태 14 중 어느 하나에 있어서,

[0052] (i) 상기 암호화된 라이소솜 표적화 서열은 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1800, 1802, 1804, 1806 또는 1808에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

[0053] (ii) 라이소솜 표적화 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1799, 1801, 1803, 1805 또는 1807 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1799, 1801, 1803, 1805 또는 1807에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0054] 16. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 15 및 실시형태 8 내지 15 중 어느 하나에 있어서, 상기 핵산은 적어도 2개, 3개, 4개 이상의 강화 요소를 암호화하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0055] 17. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 16 및 실시형태 8 내지 16 중 어느 하나에 있어서, 상기 핵산은 2개의 강화 요소를 암호화하되,

[0056] (i) 제1 강화 요소는 라이소솜 표적화 서열을 포함하되, 선택적으로 상기 라이소솜 표적화 서열은 서열번호 1802의 아미노산 서열 또는 서열번호 1802에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 그리고

[0057] (ii) 제2 강화 요소는 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체를 포함하되, 선택적으로 상기 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체는 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 서열번호 1789에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0058] 18. 실시형태 17에 있어서, 상기 제1 강화 요소 및 제2 강화 요소를 암호화하는 핵산은 1801 및 1787의 뉴클레오타이드 서열, 서열번호 1801 및 1787과 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1801 및 1787에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0059] 19. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 17 및 실시형태 8 내지 18 중 어느 하나에 있어서, 상기 핵산은 제1 강화 요소 및 제2 강화 요소를 암호화하되,

[0060] (i) 상기 제1 강화 요소는 세포 침투 펩타이드를 포함하되, 선택적으로 상기 세포 침투 펩타이드는 서열번호 1798의 아미노산 서열 또는 서열번호 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 그리고

[0061] (ii) 상기 제2 강화 요소는 라이소솜 표적화 서열을 포함하되, 선택적으로 상기 라이소솜 표적화 서열은 서열번

호 1802의 아미노산 서열 또는 서열번호 1802에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0062] 20. 실시형태 19에 있어서, 상기 제1 강화 요소 및 상기 제2 강화 요소를 암호화하는 핵산은 1797 및 1801의 뉴클레오타이드 서열, 서열번호 1797 및 1801과 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1797 및 1801에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0063] 21. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 20 또는 실시형태 8 내지 20 중 어느 하나에 있어서, 상기 핵산은 제1 강화 요소, 제2 강화 요소 및 제3 강화 요소를 암호화하되,

[0064] (i) 상기 제1 강화 요소는 라이소솜 표적화 서열을 포함하되, 선택적으로 상기 라이소솜 표적화 서열은 서열번호 1802의 아미노산 서열 또는 서열번호 1802에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

[0065] (ii) 상기 제2 강화 요소는 세포 침투 펩타이드를 포함하되, 선택적으로 상기 세포 침투 펩타이드는 서열번호 1798의 아미노산 서열 또는 서열번호 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 그리고

[0066] (iii) 상기 제3 강화 요소는 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체를 포함하되, 선택적으로 상기 사포신 C 폴리펩타이드, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체는 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 서열번호 1789에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0067] 22. 실시형태 21에 있어서, 상기 제1 강화 요소, 제2 강화 요소 및 제3 강화 요소를 암호화하는 핵산은 1801, 1797 및 1787의 뉴클레오타이드 서열, 서열번호 1801, 1797 및 1787과 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1801, 1797 및 1787에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0068] 23. 실시형태 1 내지 6 또는 9 내지 22 및 실시형태 7 내지 22 중 어느 하나에 있어서, 상기 핵산은 링커를 추가로 암호화하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0069] 24. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 22 및 실시형태 8 내지 22 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 강화 요소와 상기 암호화된 GBA 단백질은, 예를 들어, 링커 없이 직접 연결되는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0070] 25. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 23 및 실시형태 8 내지 23 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 강화 요소와 상기 암호화된 GBA 단백질은 상기 암호화된 링커를 통해 연결되는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0071] 26. 실시형태 23 또는 25에 있어서,

[0072] (i) 상기 암호화된 링커는 서열번호 1854, 1855, 1843 또는 1845 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854, 1855, 1843 또는 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

[0073] (ii) 상기 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 표 2의 뉴클레오타이드 서열 또는 표 2의 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열 중 어느 하나를 포함하고;

[0074] (iii) 상기 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1724, 1726, 1729 또는 1730 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1724, 1726, 1729 또는 1730에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환(예를 들어, 보존적 치환)을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

[0075] (iv) 상기 암호화된 링커는 퓨린(furin) 절단 부위를 포함하고;

[0076] (v) 상기 암호화된 링커는 T2A 폴리펩타이드를 포함하고;

[0077] (vi) 상기 암호화된 링커는 (Gly4Ser)n 링커(서열번호 1871)를 포함하되, n은 1 내지 10이고, 예를 들어, n은 3, 4 또는 5이며; 그리고/또는

[0078] (vii) 상기 암호화된 링커는 (Gly4Ser)3 링커(서열번호 1845)를 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0079] 27. 실시형태 23 및 25 내지 26 중 어느 하나에 있어서,

[0080] (i) 상기 암호화된 링커는 서열번호 1854의 아미노산 서열 및/또는 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854 및/또는 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 그리고/또는

[0081] (ii) 상기 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 및/또는 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1724 및/또는 1726에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0082] 28. 실시형태 23 또는 25 내지 27 및 실시형태 23 또는 25 내지 26 중 어느 하나에 있어서,

[0083] (i) 상기 암호화된 링커는 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

[0084] (ii) 상기 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1730에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0085] 29. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 28 및 실시형태 8 내지 28 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 GBA 단백질 및 상기 암호화된 강화 요소는 단일 폴리펩타이드로 발현되는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0086] 30. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 28 및 실시형태 8 내지 28 중 어느 하나에 있어서, 상기 단일 폴리펩타이드는 상기 암호화된 GBA 단백질과 상기 암호화된 강화 요소 사이에 존재하는 절단 부위를 포함하되, 선택적으로 상기 절단 부위는 T2A 및/또는 퓨린 절단 부위인, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0087] 31. 실시형태 5 내지 6 또는 9 내지 30 및 실시형태 8 내지 30 중 어느 하나에 있어서,

[0088] (i) 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치하고; 그리고/또는

[0089] (ii) 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 3'에 위치하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0090] 32. 실시형태 1 내지 6 또는 9 내지 31 및 실시형태 7 내지 31 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 GBA 단백질은 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0091] 33. 실시형태 6 또는 9 내지 32 및 실시형태 7 내지 32 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773, 1777 또는 1781 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0092] 34. 실시형태 1 내지 6 또는 9 내지 33 및 실시형태 7 내지 33 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0093] 35. 실시형태 6 또는 9 내지 33 및 실시형태 7 내지 33 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0094] 36. 실시형태 6 또는 9 내지 33 및 실시형태 7 내지 33 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0095] 37. 실시형태 1 내지 6 또는 9 내지 36 및 실시형태 7 내지 36 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 코돈 최적화된, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0096] 38. 실시형태 1 내지 6 또는 9 내지 37 및 실시형태 7 내지 37 중 어느 하나에 있어서, 신호 서열을 추가로 암호화하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0097] 39. 실시형태 38에 있어서, 상기 암호화된 신호 서열은 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%

(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0098] 40. 실시형태 38 또는 39에 있어서, 상기 암호화된 신호 서열은 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0099] 41. 실시형태 38 내지 40 중 어느 하나에 있어서, 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1850 내지 1852 또는 1856 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0100] 42. 실시형태 38 내지 41 중 어느 하나에 있어서, 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은

[0101] (i) 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'; 및/또는

[0102] (ii) 상기 암호화된 강화 요소에 대해 5'

[0103] 에 위치한, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0104] 43. 실시형태 38 내지 42 중 어느 하나에 있어서,

[0105] (i) 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

[0106] (ii) 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1851의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

[0107] (iii) 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

[0108] 그리고, 선택적으로 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0109] 44. 실시형태 38 내지 43 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 신호 서열은 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 상기 암호화된 GBA 단백질은 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고;

[0110] 그리고, 선택적으로 상기 암호화된 신호 서열은 상기 암호화된 GBA 단백질에 대해 N-말단에 위치하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0111] 45. 실시형태 38 내지 44 중 어느 하나에 있어서,

[0112] (i) 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1850 내지 1852 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1801의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 선택적으로 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치하고;

[0113] (ii) 상기 암호화된 신호 서열은 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%,

92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 상기 암호화된 강화 요소는 서열번호 1802의 아미노산 서열 또는 서열번호 1802에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 선택적으로 상기 암호화된 신호 서열은 상기 암호화된 강화 요소에 대해 N-말단에 위치하고;

[0114] (iii) 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1859의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1859의 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 선택적으로 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치하고;

[0115] (iv) 상기 암호화된 신호 서열은 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 상기 암호화된 강화 요소는 서열번호 1785의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 선택적으로 상기 암호화된 신호 서열은 상기 암호화된 강화 요소에 대해 N-말단에 위치하고;

[0116] (v) 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 선택적으로 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치하고;

[0117] (vi) 상기 암호화된 신호 서열은 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 상기 암호화된 강화 요소는 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 서열번호 1789에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 선택적으로 상기 암호화된 신호 서열은 상기 암호화된 강화 요소에 대해 N-말단에 위치하고;

[0118] (vii) 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1791의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1791의 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, 선택적으로 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치하고;

[0119] (viii) 상기 암호화된 신호 서열은 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 상기 암호화된 강화 요소는 서열번호 1758의 아미노산 서열 또는 서열번호 1758에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 선택적으로 상기 암호화된 신호 서열은 상기 암호화된 강화 요소에 대해 N-말단에 위치하고;

[0120] (ix) 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1793의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 선택적으로 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 상기 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치하고; 그리고/또는

[0121] (x) 상기 암호화된 신호 서열은 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 상기 암호화된 강화 요소는 서열번호

1794의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하고; 선택적으로 상기 암호화된 신호 서열은 상기 암호화된 강화 요소에 대해 N-말단에 위치하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0122] 46. 실시형태 1 내지 6 또는 9 내지 45 및 실시형태 7 내지 45 중 어느 하나에 있어서, 상기 핵산은 5'에서 3' 순서로 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0123] 47. 실시형태 1 내지 6 또는 9 내지 46 및 실시형태 7 내지 46 중 어느 하나에 있어서, 상기 핵산은 5'에서 3' 순서로 다음을 포함하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈:

[0124] (i) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0125] (ii) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1799의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0126] (iii) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1801의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0127] (iv) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1803의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0128] (v) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1805의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0129] (vi) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1797의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0130] (vii) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1793의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0131] (viii) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1859의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0132] (ix) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0133] (x) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1791의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0134] (xi) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는

99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1795의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0135] (xii) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1793의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0136] (xiii) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1807의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0137] (xiv) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1801의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0138] (xv) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1797의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0139] (xvi) 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

서열번호 1801의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1797의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0140] (xvii) 서열번호 1851의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0141] (xviii) 서열번호 1851의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0142] (xix) 서열번호 1851의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1797의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0143] (xx) 서열번호 1851의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1801의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0144] (xxi) 서열번호 1851의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98%

또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1805의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0145] (xxii) 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0146] (xxiii) 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1797의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0147] (xxiv) 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1801의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0148] (xxv) 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1805의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0149] (xxvi) 서열번호 1851의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1793의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 또는

[0150] (xxvii) 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는

99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 및 서열번호 1793의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열.

[0151] 48. 실시형태 1 내지 6 또는 9 내지 47 및 실시형태 7 내지 47 중 어느 하나에 있어서, 상기 핵산은 5'에서 3' 순서로 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 및 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈.

[0152] 49. 실시형태 1 내지 6 또는 9 내지 48 및 실시형태 7 내지 48 중 어느 하나에 있어서, 상기 핵산은 5'에서 3' 순서로 다음을 암호화하는, 단리된 핵산 또는 바이러스 게놈:

[0153] (i) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 및 서열번호 1800의 아미노산 서열 또는 서열번호 1800에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

[0154] (ii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1802의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소; 및 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질;

[0155] (iii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 및 서열번호 1804의 아미노산 서열 또는 서열번호 1804에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

[0156] (iv) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 및 서열번호 1806의 아미노산 서열 또는 서열번호 1806에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

[0157] (v) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 및 서열번호 1798의 아미노산 서열 또는 서열번호 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

[0158] (vi) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 및 서열번호 1794의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

[0159] (vii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA

단백질; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1785의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

[0160] (viii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

[0161] (ix) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1758의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

[0162] (x) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 및 서열번호 1796의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소;

[0163] (xi) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1794의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 및 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질;

[0164] (xii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 및 서열번호 1808의 아미노산 서열 또는 서열번호 1808에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는;

[0165] (xiii) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1802의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1

강화 요소; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제2 강화 요소;

[0166] (xiv) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 서열번호 1798의 아미노산 서열 또는 서열번호 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제1 강화 요소; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소; 또는

[0167] (xv) 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 신호 서열; 서열번호 1802의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 제1 강화 요소; 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질; 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 링커; 서열번호 1798의 아미노산 서열 또는 서열번호 1798에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제1 강화 요소; 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위; 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드; 서열번호 1857의 아미노산 서열 또는 서열번호 1857에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 제2 신호 서열; 및 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 강화 요소.

[0168] 50. 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 핵산에 작동 가능하게 연결된 프로모터를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0169] 51. 실시형태 7 내지 49 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 작동 가능하게 연결된 프로모터를 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

[0170] 52. 실시형태 7 내지 50 중 어느 하나에 있어서, 인핸서를 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

[0171] 53. 실시형태 52에 있어서, 상기 인핸서는 CMVie 인핸서를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0172] 54. 실시형태 52 또는 53에 있어서, 상기 인핸서는 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0173] 55. 실시형태 50 내지 54 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 조직 특이적 프로모터 또는 유비퀴터스 프로모터를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0174] 56. 실시형태 50 내지 55 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는

[0175] (i) EF-1a 프로모터, 닭 β-액틴(chicken β-actin: CBA) 프로모터 및/또는 이의 유도체 CAG, CMV 급초기 인핸서 및/또는 프로모터, β 글루쿠로니데이스(β glucuronidase: GUSB) 프로모터, 유비퀴틴 C(UBC) 프로모터, 뉴런-특이적 에놀레이스(neuron-specific enolase: NSE), 혈소판-유래 성장 인자(platelet-derived growth factor: PDGF) 프로모터, 혈소판-유래 성장 인자 B-사슬(platelet-derived growth factor B-chain: PDGF-β) 프로모터, 세포내 접착 분자 2(intercellular adhesion molecule 2: ICAM-2) 프로모터, 시냅신(Syn) 프로모터, 메틸-CpG 결합 단백질 2(methyl-CpG binding protein 2: MeCP2) 프로모터, Ca2+/칼모듈린-의존성 단백질 카이네이스 II(CaMKII) 프로모터, 대사성 글루타메이트 수용체 2(metabotropic glutamate receptor 2: mGluR2) 프로모터, 신경미세섬유 경쇄(neurofilament light: NFL) 또는 중쇄(neurofilament heavy: NFH) 프로모터, β-글로빈 미니유전자 nβ2 프로모터, 프리프로엔케팔린(preproenkephalin: PPE) 프로모터, 엔케팔린(enkephalin: Enk) 및 흥분성 아미노산 수송체 2(excitatory amino acid transporter 2: EAAT2), 신경교 섬유질 산성 단백질(glial fibrillary acidic protein: GFAP) 프로모터, 마이엘린 염기성 단백질(myelin basic protein: MBP) 프로모터, 심혈관 프로모터(예를 들어, αMHC, cTnT 및 CMV-MLC2k), 간 프로모터(예를 들어, hAAT, TBG), 골격근 프로모터(예를 들어, 데스민, MCK, C512) 또는 단편, 예를 들어, 절단체(truncation) 또는 이들의 기능적 변이체; 및/또는

[0176] (ii) 서열번호 1832, 1833, 1834, 1835, 1836, 1839, 1840 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열

[0177] 을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0178] 57. 실시형태 50 내지 56 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0179] 58. 실시형태 57에 있어서, 상기 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체는 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0180] 59. 실시형태 50 내지 58 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 CMVie 인핸서 및 CB 프로모터를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0181] 60. 실시형태 59에 있어서, 상기 CMVie 인핸서는 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, 상기 CB 프로모터는 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0182] 61. 실시형태 50 내지 61 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 EF-1α 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0183] 62. 실시형태 61에 있어서, 상기 EF-1α 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는 서열번호 1839 또는 1840의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0184] 63. 실시형태 61 또는 62에 있어서, 상기 EF-1α 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는 인트론, 예를 들어, 서열번호 1839의 242번 내지 1,180번 위치의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인트론 또는 서열번호 1841의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인트론을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0185] 64. 실시형태 61 내지 63 중 어느 하나에 있어서, 상기 EF-1α 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는 인트론, 예를 들어, 서열번호 1839의 242번 내지 1,180번 위치의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인트론 또는 서열번호 1841의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인트론을 포함하지 않는, 바이러스 게놈.

[0186] 65. 실시형태 50 내지 64 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 CBA 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0187] 66. 실시형태 65에 있어서, 상기 CBA 프로모터 이들의 기능적 변이체는 서열번호 1836의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0188] 67. 실시형태 50 내지 66 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 CMVie 인핸서, CBA 프로모터 또는 이들의 기

능적 변이체 및 인트론을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0189] 68. 실시형태 67에 있어서,

[0190] (i) 상기 CMVie 인핸서는 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

[0191] (ii) 상기 CBA 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는 서열번호 1836의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 그리고

[0192] (iii) 상기 인트론은 서열번호 1837의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0193] 69. 실시형태 50 내지 68 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 CAG 프로모터 영역을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0194] 70. 실시형태 50 내지 69 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는

[0195] (i) CMVie 인핸서, CBA 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체 및 인트론; 및/또는

[0196] (ii) 서열번호 1835의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열

[0197] 을 포함하는 CAG 프로모터 영역을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0198] 71. 실시형태 50 내지 70 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 CMV 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0199] 72. 실시형태 71에 있어서, 상기 CMV 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는 서열번호 1832의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0200] 73. 실시형태 50 내지 72 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 CMVie 인핸서 및 CMV 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체를 포함하되, 선택적으로 상기 CMVie 인핸서는 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, CMV 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는 서열번호 1832의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0201] 74. 실시형태 50 내지 73 중 어느 하나에 있어서, 상기 프로모터는 CMV 프로모터 영역을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0202] 75. 실시형태 74에 있어서, 상기 CMV 프로모터 영역은

[0203] (i) CMVie 인핸서 및 CMV 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체;

[0204] (ii) 서열번호 1833의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열

[0205] 을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0206] 76. 실시형태 7 내지 76 중 어느 하나에 있어서, 역 말단 반복(ITR) 서열을 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

[0207] 77. 실시형태 76에 있어서, 상기 ITR 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 대해 5'에 위치하는, 바이러스 게놈.

[0208] 78. 실시형태 75 또는 76에 있어서, 상기 ITR 서열은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 대해 3'에 위치하는, 바이러스 게놈.

[0209] 79. 실시형태 7 내지 78 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 대해 5'에 위치하는 ITR 및 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 대해 3'에 위치하는 ITR을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0210] 80. 실시형태 76 내지 79 중 어느 하나에 있어서, 상기 ITR은 서열번호 1829, 1830 또는 1862의 핵산 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0211] 81. 실시형태 76 내지 80 중 어느 하나에 있어서, 상기 ITR은 서열번호 1860 및/또는 1861의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1860 및/또는 1861의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0212] 82. 실시형태 76 내지 81 중 어느 하나에 있어서, 상기 ITR은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 대해 5'에 위치하고, 서열번호 1860 및/또는 1861의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1860 또는 1861의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0213] 83. 실시형태 76 내지 81 중 어느 하나에 있어서, 상기 ITR은 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 대해 3'에 위치하고, 서열번호 1860 또는 1861의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1860 및/또는 1861의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0214] 84. 실시형태 76 내지 83 중 어느 하나에 있어서,

[0215] (i) 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 대해 5'에 위치하는 ITR은 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 그리고/또는

[0216] (ii) 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 대해 3'에 위치하는 ITR은 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0217] 85. 실시형태 7 내지 84 중 어느 하나에 있어서, 폴리아데닐화(폴리A) 신호 영역을 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

[0218] 86. 실시형태 85에 있어서, 상기 폴리A 신호 영역은 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0219] 87. 실시형태 7 내지 86 중 어느 하나에 있어서, 인트론 영역을 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

[0220] 88. 실시형태 87에 있어서, 상기 인트론은 베타-글로빈 인트론을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0221] 89. 실시형태 87 또는 88에 있어서, 상기 인트론은 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0222] 90. 실시형태 7 내지 89 중 어느 하나에 있어서, 엑손 영역, 예를 들어, 적어도 1개, 2개 또는 3개의 엑손 영역을 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

[0223] 91. 실시형태 7 내지 90, 코작 서열을 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

[0224] 92. 실시형태 50 내지 91 중 어느 하나에 있어서, miR 결합 부위, 예를 들어, 상응하는 miRNA가 발현되는 세포 또는 조직에서 바이러스 게놈에 의해 암호화되는 GBA 단백질의 발현을 조절, 예를 들어, 감소시키는 miR 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 추가로 포함하는, 바이러스 게놈.

[0225] 93. 실시형태 7 내지 92 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 miRNA 결합 부위는 DRG, 간, 조혈 또는 이들의 조합의 세포 또는 조직에서 발현되는 miRNA에 대해 상보적, 예를 들어, 완전히 상보적이거나 또는 부분적으로 상보적인, 바이러스 게놈.

[0226] 94. 실시형태 50 내지 93 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 miR 결합 부위는 DRG, 간, 조혈 계통 또는 이들의 조합의 세포 또는 조직에서 상기 암호화된 GBA 단백질의 발현을 조절, 예를 들어, 감소시키는, 바이러스 게놈.

[0227] 95. 실시형태 7 내지 94 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 miR 결합 부위의 적어도 1개 내지 5개의 카피, 예를 들어, 적어도 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 카피를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0228] 96. 실시형태 7 내지 95 중 어느 하나에 있어서, 암호화된 miR 결합 부위의 적어도 4개의 카피를 포함하되, 선택적으로 4개의 카피 모두가 동일한 miR 결합 부위를 포함하거나 또는 적어도 1개, 2개, 3개 또는 모든 카피가 상이한 miR 결합 부위를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0229] 97. 실시형태 96에 있어서, 상기 암호화된 miR 결합 부위의 4개의 카피는 연속적이거나(예를 들어, 스페이서에 의해 분리되지 않음) 또는 스페이서에 의해 분리되는, 바이러스 게놈.

[0230] 98. 실시형태 97에 있어서, 상기 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0231] 99. 실시형태 7 내지 98 중 어느 하나에 있어서, 상기 암호화된 miR 결합 부위는 miR183 결합 부위, miR122 결

합 부위, miR-142-3p 또는 이들의 조합을 포함하되, 선택적으로

[0232] (i) 상기 암호화된 miR183 결합 부위는 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하고;

[0233] (ii) 상기 암호화된 miR122 결합 부위는 서열번호 1865의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1865의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하고; 그리고/또는

[0234] (iii) 상기 암호화된 miR-142-3p 결합 부위는 서열번호 1869의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1869의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0235] 100. 실시형태 7 내지 99 중 어느 하나에 있어서, 상기 바이러스 게놈은 암호화된 miR183 결합 부위를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0236] 101. 실시형태 7 내지 100 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바이러스 게놈은 적어도 1개 내지 5개의 카피, 예를 들어, 4개의 카피의 miR183 결합 부위를 포함하되, 선택적으로 각 카피는 연속적이거나(예를 들어, 스페이서에 의해 분리되지 않음) 또는 각 카피는 스페이서에 의해 분리되는, 바이러스 게놈.

[0237] 102. 실시형태 100 또는 101에 있어서, 상기 암호화된 miR183 결합 부위는 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0238] 103. 실시형태 7 내지 102 중 어느 하나에 있어서, 상기 바이러스 게놈은

[0239] (i) 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 암호화된 miR183 결합 부위;

[0240] (ii) 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 스페이서 서열;

[0241] (iii) 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 암호화된 miR183 결합 부위;

[0242] (iv) 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 스페이서 서열;

[0243] (v) 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제3 암호화된 miR183 결합 부위;

[0244] (vi) 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제3 스페이서 서열; 및

[0245] (vii) 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열; 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제4 암호화된 miR183 결합 부위

[0246] 를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0247] 104. 실시형태 7 내지 103 중 어느 하나에 있어서, miR183 결합 부위 시리즈를 포함하고, miR183 결합 부위의 4개의 카피를 포함하되, 상기 시리즈에서 상기 miR 결합 부위의 각 카피는 스페이서에 의해 분리되는, 바이러스 게놈.

[0248] 105. 실시형태 104에 있어서, 상기 암호화된 miR183 결합 부위 시리즈는 서열번호 1849의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0249] 106. 실시형태 7 내지 105 중 어느 하나에 있어서, 자가-상보적인, 바이러스 게놈.

[0250] 107. 실시형태 7 내지 106 중 어느 하나에 있어서, 단일-가닥인, 바이러스 게놈.

[0251] 108. 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 5'에서 3' 순서로 다음을 포함하는, 바이러스 게놈:

[0252] (i) 5' 아데노-관련(AAV) ITR로서, 선택적으로 상기 5' AAV ITR은 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 5' 아데노-관련(AAV) ITR;

[0253] (ii) CMVie 인핸서로서, 선택적으로 상기 CMVie 인핸서는 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CMVie 인핸서;

[0254] (iii) CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체로서, 선택적으로 상기 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체는 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체;

[0255] (iv) 인트론으로서, 선택적으로 상기 인트론은 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 인트론;

[0256] (v) 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열로서, 선택적으로 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는;

[0257] (vi) GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자로서, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자;

[0258] (vii) 폴리A 신호 영역으로서, 선택적으로 상기 폴리A 신호 영역은 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 폴리A 신호 영역; 및

[0259] (viii) 3' AAV ITR로서, 선택적으로 상기 3' AAV ITR은 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 3' AAV ITR.

[0260] 109. 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 5'에서 3' 순서로 다음을 포함하는, 바이러스 게놈:

[0261] (i) 5' 아데노-관련(AAV) ITR로서, 선택적으로 상기 5' AAV ITR은 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 5' 아데노-관련(AAV) ITR;

[0262] (ii) CMVie 인핸서로서, 선택적으로 상기 CMVie 인핸서는 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CMVie 인핸서;

[0263] (iii) CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체로서, 선택적으로 상기 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체는 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체;

[0264] (iv) 인트론으로서, 선택적으로 상기 인트론은 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 인트론;

[0265] (v) 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열로서, 선택적으로 상기 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열;

[0266] (vi) GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자로서, 선택적으로 상기 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자;

[0267] (vii) 암호화된 miR183 결합 부위, 선택적으로 상기 암호화된 miR183 결합 부위는 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 암호화된 miR183 결합 부위;

[0268] (viii) 스페이서 서열로서, 선택적으로 상기 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 스페이서 서열;

[0269] (ix) 암호화된 miR183 결합 부위로서, 선택적으로 상기 암호화된 miR183 결합 부위는 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 암호화된 miR183 결합 부위;

[0270] (x) 스페이서 서열로서, 선택적으로 상기 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 스페이서 서열;

[0271] (xi) 암호화된 miR183 결합 부위로서, 선택적으로 상기 암호화된 miR183 결합 부위는 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 암호화된 miR183 결합 부위;

[0272] (xii) 스페이서 서열로서, 선택적으로 상기 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 스페이서 서열;

[0273] (xiii) 암호화된 miR183 결합 부위로서, 선택적으로 상기 암호화된 miR183 결합 부위는 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 암호화된 miR183 결합 부위;

[0274] (xiv) 폴리A 신호 영역으로서, 선택적으로 상기 폴리A 신호 영역은 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 폴리A 신호 영역; 및

[0275] (xv) 3' AAV ITR, 선택적으로 상기 3' AAV ITR은 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 3' AAV ITR.

[0276] 110. 실시형태 50 내지 109 중 어느 하나에 있어서, 서열번호 1812의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0277] 111. 실시형태 50 내지 110 중 어느 하나에 있어서, 서열번호 1826의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0278] 112. 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 5'에서 3' 순서로 다음을 포함하는, 바이러스 게놈:

[0279] (i) 5' 아데노-관련(AAV) ITR로서, 선택적으로 상기 5' AAV ITR은 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 5' 아데노-관련(AAV) ITR;

[0280] (ii) CMVie 인핸서로서, 선택적으로 상기 CMVie 인핸서는 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CMVie 인핸서;

[0281] (iii) CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체로서, 선택적으로 상기 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체는 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체;

[0282] (iv) 인트론으로서, 선택적으로 상기 인트론은 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 인트론;

[0283] (v) 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 β-글루코세레브로시데이스(GBA) 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산;

[0284] (vi) 폴리A 신호 영역으로서, 선택적으로 상기 폴리A 신호 영역은 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 폴리A 신호 영역; 및

[0285] (vii) 3' AAV ITR로서, 선택적으로 상기 3' AAV ITR은 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 3' AAV ITR.

[0286] 113. 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 5'에서 3' 순서로 다음을 포함하는, 바이러스 게놈:

[0287] (i) 5' 아데노-관련(AAV) ITR로서, 선택적으로 상기 5' AAV ITR은 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 5' 아데노-관련(AAV) ITR;

[0288] (ii) EF-1α 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체로서, 선택적으로 상기 EF-1α 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는 서열번호 1839 또는 1840의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 EF-1α 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체;

[0289] (iii) 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 β-글루코세레브로시데이스(GBA) 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산;

[0290] (iv) 폴리A 신호 영역으로서, 선택적으로 상기 폴리A 신호 영역은 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 폴리A 신호 영역; 및

[0291] (v) 3' AAV ITR로서, 선택적으로 상기 3' AAV ITR은 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 3' AAV ITR.

[0292] 114. 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 5'에서 3' 순서로 다음을 포함하는, 바이러스 게놈:

[0293] (i) 5' 아데노-관련(AAV) ITR로서, 선택적으로 상기 5' AAV ITR은 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 5' 아데노-관련(AAV) ITR;

[0294] (ii) CMVie 인핸서로서, 선택적으로 상기 CMVie 인핸서는 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CMVie 인핸서;

[0295] (iii) CMV 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체로서, 선택적으로 상기 CMV 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는 서열번호 1832의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, CMV 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체;

[0296] (iv) 인트론으로서, 선택적으로 상기 인트론은 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 인트론;

[0297] (v) 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 β-글루코세레브로시데이스(GBA) 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산;

[0298] (vi) 폴리A 신호 영역으로서, 선택적으로 상기 폴리A 신호 영역은 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 폴리A 신호 영역; 및

[0299] (vii) 3' AAV ITR로서, 선택적으로 상기 3' AAV ITR은 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 3' AAV ITR.

[0300] 115. 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 게놈으로서, 5'에서 3' 순서로 다음을 포함하는, 바이러스 게놈:

[0301] (i) 5' 아데노-관련(AAV) ITR로서, 선택적으로 상기 5' AAV ITR은 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 5' 아데노-관련(AAV) ITR;

[0302] (ii) CAG 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체로서, 선택적으로 상기 CAG 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체는 서열번호 1835의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 CAG 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체;

[0303] (iii) 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 β-글루코세레브로시데이스(GBA) 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산;

[0304] (iv) 폴리A 신호 영역으로서, 선택적으로 상기 폴리A 신호 영역은 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 폴리A 신호 영역; 및

[0305] (v) 3' AAV ITR로서, 선택적으로 상기 3' AAV ITR은 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 상기 3' AAV ITR.

[0306] 116. 실시형태 7 내지 107 및 112 내지 115 중 어느 하나에 있어서, 서열번호 1759 내지 1771, 1809 내지 1811, 1813 내지 1827 또는 1870 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0307] 117. 실시형태 7 내지 116 중 어느 하나에 있어서, 캡시드 단백질, 예를 들어, 구조 단백질을 암호화하는 핵산을 추가로 포함하되, 상기 캡시드 단백질은 VP1 폴리펩타이드, VP2 폴리펩타이드 및/또는 VP3 폴리펩타이드를 포함하는, 바이러스 게놈.

[0308] 118. 실시형태 117에 있어서, 상기 VP1 폴리펩타이드, VP2 폴리펩타이드 및/또는 VP3 폴리펩타이드는 적어도 하나의 Cap 유전자에 의해 암호화되는, 바이러스 게놈.

[0309] 119. 실시형태 7 내지 118 중 어느 하나에 있어서, Rep 단백질, 예를 들어, 비구조 단백질을 암호화하는 핵산을 추가로 포함하되, 상기 Rep 단백질은 Rep78 단백질, Rep68, Rep52 단백질 및/또는 Rep40 단백질을 포함하는, 바이러스 게놈.

[0310] 120. 실시형태 119에 있어서, 상기 Rep78 단백질, Rep68 단백질, Rep52 단백질 및/또는 Rep40 단백질은 적어도 하나의 Rep 유전자에 의해 암호화되는, 바이러스 게놈.

[0311] 121. 단리된, 예를 들어, 재조합 GBA 단백질로서, 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 단리된 핵산 또는 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈에 의해 암호화되는, 재조합 GBA 단백질.

[0312] 122. 단리된, 예를 들어, 재조합 AAV 입자로서,

[0313] (i) 캡시드 단백질; 및

[0314] (ii) 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈

[0315] 을 포함하는, AAV 입자.

[0316] 123. 실시형태 122에 있어서,

[0317] (i) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 138의 아미노산 서열 또는 이에 대해 적어도 80%(예를 들어, 적어도 약 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%)의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

[0318] (ii) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 138의 아미노산 서열의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

[0319] (iii) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 11의 아미노산 서열 또는 이에 대해 적어도 80%(예를 들어, 적어도 약 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%)의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

[0320] (iv) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 11의 아미노산 서열의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함하고;

[0321] (v) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 80%(예를 들어, 적어도 약 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%)의 서열 동일성을 갖는 서열에 의해 암호화된 아미노산 서열을 포함하고; 그리고/또는

[0322] (vi) 상기 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열 또는 이에 대해 적어도 80%(예를 들어, 적어도 약 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%)의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는, AAV 입자.

[0323] 124. 실시형태 122 또는 123에 있어서, 상기 캡시드 단백질은

[0324] (i) 서열번호 138에 따라 넘버링된 K449번 위치에서의 아미노산 치환, 예를 들어, K449R 치환;

[0325] (ii) TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체(insert)로서, 선택적으로 상기 삽입체는 서열번호 138에 따라 넘버링된 참조 서열에 대해 588번 위치 바로 뒤에 존재하는, 상기 삽입체;

[0326] (iii) 서열번호 138에 따라 넘버링된 587번 위치에 "A" 이외의 아미노산 및/또는 588번 위치에 "Q" 이외의 아미노산;

[0327] (iv) 서열번호 138에 따라 넘버링된 A587D 및/또는 Q588G의 아미노산 치환

[0328] 을 포함하는, AAV 입자.

[0329] 125. 실시형태 122 내지 124 중 어느 하나에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열번호 138에 따라 넘버링된 K449R의 아미노산 치환; 및 (ii) TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체로서, 선택적으로 상기 삽입체는 서열번호 138의 588번 위치 바로 뒤에 존재하는, 상기 삽입체를 포함하는, AAV 입자.

[0330] 126. 실시형태 122 내지 124 중 어느 하나에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열번호 138에 따라 넘버링된 K449R의 아미노산 치환; (ii) TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체로서, 선택적으로 상기 삽입체는 서열번호 138에 따라 넘버링된 참조 서열에 대해 588번 위치 바로 뒤에 존재하는, 상기 삽입체; 및 (iii) 서열번호 138에 따라 넘버링된 A587D 및 Q588G의 아미노산 치환을 포함하는, AAV 입자.

[0331] 127. 실시형태 122 내지 124 중 어느 하나에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 (i) TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체로서, 선택적으로 상기 삽입체는 서열번호 138에 따라 넘버링된 참조 서열에 대해 588번 위치 바로 뒤에 존재하는, 상기 삽입체; 및 (ii) 서열번호 138에 따라 넘버링된 A587D 및 Q588G의 아미노산 치환을 포함하는, AAV 입자.

[0332] 128. 실시형태 122 내지 127 중 어느 하나에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 표 1에 열거된 임의의 캡시드 단백질 또는 이들의 기능적 변이체를 포함하는, AAV 입자.

[0333] 129. 실시형태 122 내지 128 중 어느 하나에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 VOY101, VOY201, AAVPHP.N(PHP.N), AAVPHP.B(PHP.B), AAVPHP.A(PHP.A), PHP.B2, PHP.B3, G2B4, G2B5, AAV9, AAVrh10 또는 이들의 기능적 변이체를 포함하는, AAV 입자.

[0334] 130. 실시형태 122 내지 129 중 어느 하나에 있어서,

[0335] (i) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 1의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함하고;

[0336] (ii) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 1의 아미노산 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 포함하는 아미노산 서열을 포함하고;

[0337] (iii) 상기 캡시드 단백질은 서열번호 2의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화된 아미노산 서열을 포함하고; 그리고/또는

[0338] (iv) 상기 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 2의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, AAV 입자.

[0339] 131. 실시형태 122 내지 130 중 어느 하나에 있어서, 상기 캡시드 단백질은

[0340] (i) VP1 폴리펩타이드, VP2 폴리펩타이드, VP3 폴리펩타이드 또는 이들의 조합;

[0341] (ii) 서열번호 1 또는 이에 대해 적어도 80%(예를 들어, 적어도 약 85%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%)의 서열 동일성을 갖는 서열의 138번 내지 743번 위치에 해당하는 아미노산 서열, 예를 들어, VP2;

[0342] (iii) 서열번호 1 또는 이에 대해 적어도 80%(예를 들어, 적어도 약 85%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%)의 서열 동일성을 갖는 서열의 203번 내지 743번 위치에 해당하는 아미노산 서열, 예를 들어, VP3; 및/또는

[0343] (iv) 서열번호 1 또는 이에 대해 적어도 80%(예를 들어, 적어도 약 85%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%)의 서열 동일성을 갖는 서열의 1번 내지 743번 위치에 해당하는 아미노산 서열, 예를 들어, VP1

[0344] 을 포함하는, AAV 입자.

[0345] 132. 실시형태 122 내지 131 중 어느 하나에 있어서, 상기 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은

[0346] (i) CTG 개시 코돈; 및/또는

[0347] (ii) 3개 내지 20개의 돌연변이, 예를 들어, 치환, 예를 들어, 3개 내지 15개의 돌연변이, 3개 내지 10개의 돌연변이, 3개 내지 5개의 돌연변이, 5개 내지 20개의 돌연변이, 5개 내지 15개의 돌연변이, 5개 내지 10개의 돌연변이, 10개 내지 20개의 돌연변이, 10 내지 15개의 돌연변이, 15개 내지 20개의 돌연변이, 3개의 돌연변이, 5개의 돌연변이, 10개의 돌연변이, 12개의 돌연변이, 15개의 돌연변이, 18개의 돌연변이 또는 20개의 돌연변이를 포함하는 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열

[0348] 을 포함하는, AAV 입자.

[0349] 133. 벡터로서, 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 단리된 핵산 또는 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈을 포함하는, 벡터.

[0350] 134. 세포로서, 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 바이러스 입자 또는 실시형태 133의 벡터를 포함하는, 세포.

[0351] 135. 실시형태 134에 있어서, 포유동물 세포, 예를 들어, HEK293 세포, 곤충 세포, 예를 들어, Sf9 세포 또는 세균 세포인, 세포.

[0352] 136. 핵산으로서, 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈, 및 세포, 예를 들어, 세균 세포에서 상기 바이러스 게놈의 복제에 적합한 백본 영역(예를 들어, 상기 백본 영역은 세균 복제 기점 및 선별 마커 중 하나 또는 둘 다를 포함함)을 포함하는, 핵산.

[0353] 137. 실시형태 136에 있어서, 상기 바이러스 게놈은 서열번호 1799 내지 1082, 1752 내지 1759, 1803 내지 1821 또는 1824 내지 1830 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 핵산.

[0354] 138. 바이러스 게놈을 만드는 방법으로서,

[0355] (i) 실시형태 136 또는 137의 바이러스 게놈 또는 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈을 암호화하는 핵산을 포함하는 핵산 분자를 제공하는 단계; 및

[0356] (ii) 예를 들어, 상기 바이러스 게놈의 상류 및 하류에서 핵산 분자를 절단함으로써 상기 백본 영역으로부터 상기 바이러스 게놈을 절제하는 단계

[0357] 를 포함하는, 방법.

[0358] 139. 단리된, 예를 들어, 재조합 AAV 입자를 제조하는 방법으로서,

[0359] (i) 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈 또는 실시형태 136 또는 137의 바이러스 게놈을 암호화하는 핵산을 포함하는 숙주 세포를 제공하는 단계; 및

[0360] (ii) 캡시드 단백질, 예를 들어, VOY101 캡시드 단백질에 상기 바이러스 게놈을 밀봉시키기에 적합한 조건하에서 상기 숙주 세포를 인큐베이션하고;

[0361] 이에 의해 단리된 AAV 입자를 제조하는 단계

[0362] 를 포함하는, 방법.

[0363] 140. 실시형태 139에 있어서, 단계 (i) 전에, 상기 바이러스 게놈을 포함하는 제1 핵산 분자를 상기 숙주 세포에 도입하는 단계를 더 포함하는, 방법.

[0364] 141. 실시형태 139 또는 140에 있어서, 상기 숙주 세포는 캡시드 단백질, 예를 들어, VOY101 캡시드 단백질을 암호화하는 제2 핵산을 포함하는, 방법.

[0365] 142. 실시형태 141에 있어서, 상기 제2 핵산을 상기 세포에 도입하는 단계를 더 포함하는, 방법.

[0366] 143. 실시형태 141 또는 142에 있어서, 상기 제2 핵산 분자는 상기 제1 핵산 분자 이전에, 이와 동시에 또는 이후에 상기 숙주 세포에 도입되는, 방법.

[0367] 144. 실시형태 139 내지 143 중 어느 하나에 있어서, 상기 숙주 세포는 포유동물 세포, 예를 들어, HEK293 세포, 곤충 세포, 예를 들어, Sf9 세포 또는 세균 세포를 포함하는, 방법.

[0368] 145. 약제학적 조성물로서, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 AAV 입자 또는 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 및 약제학적으로 허용 가능한 부형제를 포함하는, 약제학적 조성물.

[0369] 146. 외인성 GBA 단백질을 대상체에게 전달하는 방법으로서, 유효량의 실시형태 145의 약제학적 조성물, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 AAV 입자, 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 또는 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 투여함으로써 상기 외인성 GBA를 상기 대상체에게 전달하는 단계를 포함하는, 방법.

[0370] 147. 실시형태 146에 있어서, 상기 대상체는 GBA의 발현, 예를 들어, 비정상적이거나 또는 감소된 GBA 발현, 예를 들어, GBA 유전자, GBA mRNA 및/또는 GBA 단백질의 발현과 관련된 질환을 갖고 있거나, 또는 갖고 있는 것으로 진단받았거나 또는 가질 위험이 있는, 방법.

[0371] 148. 실시형태 146 또는 147에 있어서, 상기 대상체는 신경퇴행성 장애 또는 신경근 장애를 갖고 있거나, 또는 갖고 있는 것으로 진단받았거나 또는 가질 위험이 있는, 방법.

[0372] 149. GBA 발현과 관련된 질환을 갖고 있거나 또는 갖고 있는 것으로 진단받은 대상체를 치료하는 방법으로서, 유효량의 실시형태 145의 약제학적 조성물, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 AAV 입자, 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 또는 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 투여함으로써 상기 대상체에서 상기 GBA 발현과 관련된 질환을 치료하는 단계를 포함하는, 방법.

[0373] 150. 신경퇴행성 장애 또는 신경근 장애를 갖고 있거나 또는 갖고 있는 것으로 진단받은 대상체를 치료하는 방법으로서, 유효량의 실시형태 145의 약제학적 조성물, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 AAV 입자, 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 또는 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 투여함으로써 상기 대상체에서 상기 신경퇴행성 장애 또는 신경근 장애를 치료하는 단계를 포함하는, 방법.

[0374] 151. 실시형태 147 내지 150 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA의 발현과 관련된 질환, 또는 신경퇴행성 장애 또는 신경근 장애는 파킨슨병(PD), 루이소체 치매(DLB), 고셔병(GD), 척수성 근위축증(SMA), 다계통 위축증(MSA) 또는 다발성 경화증(MS)을 포함하는, 방법.

[0375] 152. 파킨슨병(PD)(예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD)을 갖고 있거나 또는 갖고 있는 것으로 진단받은 대상체를 치료하는 방법으로서, 유효량의 실시형태 145의 약제학적 조성물, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 AAV 입자, 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 또는 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 투여함으로써 상기 대상체에서 PD를 치료하는 단계를 포함하는, 방법.

[0376] 153. 실시형태 151 또는 152에 있어서, 상기 PD는 GBA 유전자의 돌연변이와 관련이 있는, 방법.

[0377] 154. 실시형태 151 내지 153 중 어느 하나에 있어서, 상기 PD는 조기 발병 PD(예를 들어, 50세 이전) 또는 청소년 PD(예를 들어, 20세 이전)인, 방법.

[0378] 155. 실시형태 151 내지 154 중 어느 하나에 있어서, 상기 PD는 진전 우세형, 자세 불안정 보행 장애(postural instability gait difficulty: PIGD) PD 또는 산발성 PD(예를 들어, 돌연변이와 관련되지 않은 PD)인, 방법.

[0379] 156. 고셔병(GD)을 갖고 있거나 또는 갖고 있는 것으로 진단받은 대상체를 치료하는 방법으로서, 유효량의 실시형태 145의 약제학적 조성물, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 AAV 입자, 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자 또는 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 투여함으로써 상기 대상체에서 GD를 치료하는 단계를 포함하는, 방법.

[0380] 157. 실시형태 151 또는 156에 있어서, 상기 GD는 신경병증성 GD(예를 들어, CNS의 세포 또는 조직, 예를 들어, 뇌 및/또는 척수의 세포 또는 조직에 영향을 미침), 비신경병증성 GD(예를 들어, CNS의 세포 또는 조직에 영향을 미치지 않음) 또는 이들의 조합인, 방법.

[0381] 158. 실시형태 151 및 156 내지 157 중 어느 하나에 있어서, 상기 GD는 제I형 GD(GD1), 제2형 GD(GD2) 또는 제3형 GD(GD3)인, 방법.

[0382] 159. 실시형태 158에 있어서, 상기 GD1은 비신경병증성 GD인, 방법.

[0383] 160. 실시형태 158에 있어서, 상기 GD2는 신경병증성 GD인, 방법.

[0384] 161. 실시형태 146 내지 160 중 어느 하나에 있어서, 상기 대상체는 검정, 예를 들어, 실시예 7에 기재된 바와 같은 검정에 의해 측정될 때 참조 수준과 비교하여 감소된 수준의 GCase 활성을 갖는, 방법.

[0385] 162. 실시형태 161에 있어서, 상기 참조 수준은 GBA 발현과 관련된 질환, 신경근 및/또는 신경퇴행성 장애를 갖지 않은 대상체에서의 GCase 활성 수준을 포함하는, 방법.

[0386] 163. 실시형태 149 내지 162 중 어느 하나에 있어서, 치료는 상기 대상체에서의 상기 질환의 진행의 예방을 포함하는, 방법.

[0387] 164. 실시형태 149 내지 163 중 어느 하나에 있어서, 치료는 상기 대상체에서 상기 GBA 발현과 관련된 질환, 신경퇴행성 장애 및/또는 신경근 장애의 적어도 하나의 증상의 개선을 초래하는, 방법.

[0388] 165. 실시형태 164에 있어서, 상기 GBA 발현과 관련된 질환, 신경퇴행성 장애 및/또는 신경근 장애의 증상은 감소된 GCase 활성, 글루코세레브로사이드 및 기타 당지질의, 예를 들어, 면역 세포(예를 들어, 대식세포) 내 축적, 시누클레인 응집체의 축적(build-up)(예를 들어, 루이소체), 발달 지연, 진행성 뇌병증, 진행성 치매, 운동실조, 간대성 근경련, 안구운동 기능장애, 연수 마비, 전신 쇠약, 사지 떨림, 우울증, 환시, 인지 저하 또는 이들의 조합을 포함하는, 방법.

[0389] 166. 실시형태 146 내지 165 중 어느 하나에 있어서, 상기 대상체는 인간인, 방법.

[0390] 167. 실시형태 146 내지 166 중 어느 하나에 있어서, 상기 대상체는, 예를 들어, 6세 내지 20세인 청소년인, 방법.

[0391] 168. 실시형태 146 내지 167 중 어느 하나에 있어서, 상기 대상체는, 예를 들어, 20세 이상의 성인인, 방법.

[0392] 169. 실시형태 146 내지 168 중 어느 하나에 있어서, 상기 대상체는 GBA 유전자, GBA mRNA 및/또는 GBA 단백질에 돌연변이를 갖는, 방법.

[0393] 170. 실시형태 146 내지 169 중 어느 하나에 있어서, 상기 AAV 입자는 상기 대상체에게 정맥내로, 뇌내로, 시상하부(intrathalamic: ITH) 투여를 통해, 근육내로, 척수강내로, 뇌실내로, 뇌실질내 투여를 통해, 예를 들어, 미세기포의 정맥내 투여와 결합된 집중 초음파(focused ultrasound: FUS)(FUS-MB) 또는 정맥내 투여와 결합된 MRI-유도 FUS를 통해 또는 대조내(intracisterna-magna: ICM) 주사를 통해 투여되는, 방법.

[0394] 171. 실시형태 146 내지 170 중 어느 하나에 있어서, 상기 AAV 입자는 이중 ITH 및 ICM 투여를 통해 투여되는, 방법.

[0395] 172. 실시형태 146 내지 170 중 어느 하나에 있어서, 상기 AAV 입자는 정맥내 주사를 통해 투여되되, 선택적으로 상기 정맥내 주사는, 예를 들어, 미세기포의 정맥내 투여와 결합된 집중 초음파(FUS)(FUS-MB) 또는 정맥내 투여와 결합된 MRI-유도 FUS를 통한, 방법.

[0396] 173. 실시형태 146 내지 172 중 어느 하나에 있어서, 상기 AAV 입자는 상기 CNS의 세포, 조직 또는 영역, 예를 들어, 뇌 또는 척수의 영역, 예를 들어, 실질, 피질, 흑질, 미상 소뇌, 선조체, 뇌량, 소뇌, 뇌간 미상-피각, 시상, 상구, 척수 또는 이들의 조합에 투여되는, 방법.

[0397] 174. 실시형태 146 내지 173 중 어느 하나에 있어서, 상기 AAV 입자는 주변부의 세포, 조직 또는 영역, 예를 들어, 폐 세포 또는 조직, 심장 세포 또는 조직, 비장 세포 또는 조직, 간 세포 또는 조직 또는 이들의 조합에 투여되는, 방법.

[0398] 175. 실시형태 146 내지 174 중 어느 하나에 있어서, 상기 AAV 입자는 뇌척수액, 혈청 또는 이들의 조합에 투여되는, 방법.

[0399] 176. 실시형태 146 내지 175 중 어느 하나에 있어서, 상기 AAV 입자는 상기 CNS의 적어도 2개의 조직 또는 영역에 투여, 예를 들어, 양측 투여되는, 방법.

[0400] 177. 실시형태 146 내지 176 중 어느 하나에 있어서, 혈액 검사를 수행하는 단계, 영상화 검사를 수행하는 단계, CNS 생검 샘플을 수집하는 단계, 조직 생검(예를 들어, 폐, 간 또는 비장의 생검)을 수행하는 단계, 혈액 또는 혈청 샘플을 수집하는 단계 또는 수성 뇌척수액 생검을 수집하는 단계를 더 포함하는, 방법.

[0401] 178. 실시형태 146 내지 177 중 어느 하나에 있어서, 상기 대상체, 예를 들어, 상기 대상체의 세포, 조직 또는 체액에서 GBA 발현, 예를 들어, GBA 유전자, GBA mRNA 및/또는 GBA 단백질 발현의 수준을 평가, 예를 들어, 측

정하는 단계를 더 포함하되, 선택적으로 상기 GBA 단백질의 수준은 본 명세서에 기재된 검정, 예를 들어, ELISA, 웨스턴 블롯 또는 면역조직화학 검정에 의해 측정되는, 방법.

[0402] 179. 실시형태 178에 있어서, 상기 GBA 발현의 수준을 측정하는 단계는 상기 AAV 입자를 사용한 치료 전, 치료 동안 또는 치료 후에 수행되는, 방법.

[0403] 180. 실시형태 178 또는 179에 있어서, 상기 세포 또는 조직은 중추신경계(예를 들어, 실질)의 세포 또는 조직, 또는 말초 세포 또는 조직(예를 들어, 간, 심장 및/또는 비장)인, 방법.

[0404] 181. 실시형태 146 내지 180 중 어느 하나에 있어서, 상기 투여는 참조 수준, 예를 들어, 치료를 받지 않은, 예를 들어, 상기 AAV 입자를 투여받지 않은 대상체에 비해 상기 대상체의 세포 또는 조직에서 GBA 단백질 발현의 수준을 증가시키는, 방법.

[0405] 182. 실시형태 146 내지 181 중 어느 하나에 있어서, 상기 대상체, 예를 들어, 상기 대상체의 세포 또는 조직에서 GCase 활성의 수준을 평가, 예를 들어, 측정하는 단계를 더 포함하되, 선택적으로 상기 GCase 활성의 수준은 본 명세서에 기재된 검정, 예를 들어, 실시예 7에 기재된 바와 같은 검정에 의해 측정되는, 방법.

[0406] 183. 실시형태 146 내지 182 중 어느 하나에 있어서, 상기 투여는 다음 중 적어도 하나, 둘 또는 모두를 증가시키는, 방법:

[0407] (i) 상기 대상체의 세포, 조직(예를 들어, CNS의 세포 또는 조직, 예를 들어, 피질, 선조체, 시상, 소뇌 및/또는 뇌간) 및/또는 체액(예를 들어, CSF 및/또는 혈청)에서의 GCase 활성 수준으로서, 선택적으로 상기 GCase 활성의 수준은 참조 수준, 예를 들어, 치료를 받지 않은, 예를 들어, AAV 입자를 투여받지 않은 대상체에 비해 적어도 3배, 4배, 4.5배, 4.6배, 4.7배, 4.8배, 4.9배, 5배, 5.1배, 5.2배, 5.3배, 5.4배 또는 5.5배 증가하는, 상기 GCase 활성 수준;

[0408] (ii) 상기 대상체의 CNS 조직(예를 들어, 피질, 선조체, 시상, 소뇌, 뇌간 및/또는 척수)에서 세포당 바이러스 게놈(viral genome: VG)의 수준으로서, 선택적으로 상기 VG 수준은 말초 조직과 비교하여 세포당 50 VG를 초과로 증가하고, 세포당 상기 VG의 수준은, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 바와 같은 검정에 의해 측정된 바와 같이 상기 CNS 조직에서의 수준보다 적어도 4배 내지 10배 낮은, 세포당 바이러스 게놈(VG)의 수준; 그리고/또는

[0409] (iii) 세포 또는 조직(예를 들어, CNS의 세포 또는 조직, 예를 들어, 피질, 시상 및/또는 뇌간)에서의 GBA mRNA 발현의 수준으로서, 선택적으로 상기 GBA mRNA의 수준은, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 바와 같은 검정에 의해 측정된 바와 같이 참조 수준, 예를 들어, 치료를 받지 않은(예를 들어, AAV 입자를 투여받지 않은) 대상체 또는 내인성 GBA mRNA 수준과 비교하여 적어도 100배 내지 1300배, 예를 들어, 100배, 200배, 500배, 600배, 850배, 900배, 950배, 1000배, 1050배, 1100배, 1150배, 1200배, 1250배 또는 1300배 증가하는, 방법.

[0410] 184. 실시형태 146 내지 183 중 어느 하나에 있어서, 상기 GBA 발현과 관련된 질환, 신경퇴행성 장애 및/또는 신경근 장애의 치료 또는 예방에 적합한 추가적인 치료제 및/또는 요법을 투여하는 단계를 더 포함하는, 방법.

[0411] 185. 실시형태 184에 있어서, 상기 추가적인 치료제는 효소 대체 요법(enzyme replacement therapy: ERT)(예를 들어, 이미글루세레이스, 베라글루세레이스 알파 또는 탈리글루세레이스 알파); 기질 감소 요법(substrate reduction therapy: SRT)(예를 들어, 엘리글루스타트 또는 미글루스타트), 혈액 수혈, 레보도파, 카비도파, 사피나마이드, 도파민 효능제(예를 들어, 파라미펙솔, 로티고틴 또는 로피니롤), 항콜린제(예를 들어, 벤즈트로핀 또는 트라이헥시페니딜), 콜린에스터레이스 저해제(예를 들어, 리바스티그민, 도네페질 또는 갈란타민), N-메틸-d-아스파테이트(NMDA) 수용체 길항제(예를 들어, 메만틴) 또는 이들의 조합을 포함하는, 방법.

[0412] 186. 약제의 제조에 사용하기 위한, 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 단리된 핵산, 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 AAV 입자 또는 실시형태 145의 약제학적 조성물.

[0413] 187. GBA 발현과 관련된 질환, 신경근 및/또는 신경퇴행성 장애의 치료에 사용하기 위한, 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 단리된 핵산, 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 바이러스 게놈, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 AAV 입자 또는 실시형태 145의 약제학적 조성물.

[0414] 188. GBA 발현과 관련된 질환, 신경근 및/또는 신경퇴행성 장애의 치료를 위한 약제의 제조에서의, 유효량의 실시형태 7 내지 120 중 어느 하나의 게놈을 포함하는 AAV 입자, 실시형태 1 내지 6 및 9 내지 49 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 게놈을 포함하는 AAV 입자, 실시형태 122 내지 132 중 어느 하나의 AAV 입자 또는 실시형태

145의 약제학적 조성물의 용도.

[0415] 189. 아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터 게놈으로서, 서열번호 1759 내지 1771 중 어느 하나로부터 선택되는 서열을 포함하는, 아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터 게놈.

[0416] 190. AAV 입자로서, 제189항의 AAV 벡터 게놈 및 표 1에 열거된 것들로 이루어진 군으로부터 선택되는 캡시드를 포함하는, AAV 입자.

[0417] 191. 실시형태 190에 있어서, 상기 캡시드는 AAV2 혈청형을 포함하는, AAV 입자.

[0418] 192. 약제학적 조성물로서, 제190항 또는 제191항의 AAV 입자를 포함하는, 약제학적 조성물.

[0419] 193. 신경학적 또는 신경근 장애를 치료하는 방법으로서, 상기 방법은 제192항의 약제학적 조성물을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는, 방법.

[0420] 194. 제193항에 있어서, 상기 신경학적 또는 신경근 장애는 파킨슨병, 고셔병 또는 루이소체 치매 또는 관련 장애인, 방법.

[0421] 195. 제194항에 있어서, 상기 신경학적 또는 신경근 장애는 감소된 GCase 단백질 수준과 관련된 장애인, 방법.

[0422] 본 개시내용의 다양한 양태 또는 실시형태의 세부사항이 아래에 제시된다. 본 개시내용의 다른 특징, 목적 및 이점은 상세한 설명 및 청구범위로부터 명백해질 것이다. 상세한 설명에서, 단수형은 또한 문맥상 달리 명시되지 않는 한 복수형도 포함한다. 달리 정의되지 않는 한, 본 명세서에 사용된 모든 기술 및 과학 용어는 본 개시내용의 분야에서 당업자가 일반적으로 이해하는 것과 동일한 의미를 갖는다. 상충하는 경우, 현재 설명이 우선한다.

도면의 간단한 설명

[0423] **도 1a** 내지 **도 1b**는 고셔병 환자 유래 섬유아세포(GD1 환자 GM04394, GD1 환자 GM00852 및 GD2 환자 GM00877) 및 건강한 대조군 섬유아세포(CLT GM05758, CTL GM02937 및 CTL GM08402)의 세포 용해물에서 GBA 기질 글루코실스핑고신(GlcSph)의 수준을 정량화한 LC-MS/MS 결과를 도시한다. 데이터는 액틴으로 정규화되거나(**도 1a**) 또는 라이소솜 단백질 Lamp1로 정규화된(**도 1b**) GlcSph로 표시된다. **도 1c**는 LC-MS/MS에 의해 건강한 대조군 섬유아세포(HC)와 비교하여 고셔병 환자-유래 섬유아세포(GD1 및 GD2)의 용해물에서 검출된 GBA 단백질 수준을 도시한다. 데이터는 총 단백질(㎎)에 대한 GBA 단백질(ng)의 농도로 표시된다.

도 2a 내지 **도 2b**는 $10^{3.5}$의 MOI로 X-축 상의 왼쪽에서 오른쪽으로 GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG9(서열번호 1767), GBA_VG10(서열번호 1768), GBA_VG11(서열번호 1769), GBA_VG6(서열번호 1764), GBA_VG7(서열번호 1765), GBA_VG12(서열번호 1770), GBA_VG3(서열번호 1761), GBA_VG4(서열번호 1762), GBA_VG5(서열번호 1763) 및 GBA_VG13(서열번호 1771)의 바이러스 게놈 작제물을 포함하는 AAV2 바이러스 입자가 형질도입된 후 제7일에 GD-II GM00877 섬유아세포 세포 펠릿(**도 2a**) 또는 조건 배지(**도 2b**)에서의 GCase 활성(단백질의 ㎎으로 정규화된 RFU/㎖)을 도시한다. 점선은 기준선 수준(비히클 치료)을 나타낸다.

도 3은 AAV가 없는 대조군(no AAV control) 또는 X-축(왼쪽에서 오른쪽으로: GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG9(서열번호 1767), GBA_VG6(서열번호 1764), GBA_VG7(서열번호 1765), GBA_VG3(서열번호 1761), GBA_VG4(서열번호) 및 GBA_VG5(서열번호 1763)) 상에 나타낸 바이러스 게놈을 포함하는 AAV2 벡터의 형질도입으로 형질도입 후 제7일에 GD-II 환자 섬유아세포(GM00877)로부터 수집된 세포 용해물(ng/mg Lamp1)에서의 GBA 기질 글루코실스핑고신(GlcSph)의 수준을 도시한다.

도 4a는 $10^{2.5}$(첫 번째 막대), 10^{3}(두 번째 막대), $10^{3.5}$ 및 10^{4}(세 번째 막대)의 MOI로 X-축(왼쪽에서 오른쪽으로: GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG14(서열번호 1809), GBA_VG15(서열번호 1810), GBA_VG16(서열번호 1811), GBA_VG17(서열번호 1812), GBA_VG18(서열번호 1813), GBA_VG19(서열번호 1814) 및 GBA_VG20(서열번호 1815)) 상에 나타낸 바이러스 게놈을 포함하는 AAV2 벡터를 사용한 형질도입 후 제7일에 GD-II 환자 섬유아세포(GD-II GM00877)에서의 단백질의 ㎎으로 정규화된 ㎖당 RFU로 측정된 GCase 활성을 도시한다. **도 4b**는 $10^{2.5}$(첫 번째 막대), 10^{3}(두 번째 막대), $10^{3.5}$ 및 10^{4}(세 번째 막대)의 MOI로 X-축(왼쪽에서 오른쪽으로: GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG14(서열번호 1809), GBA_VG15(서열번호 1810), GBA_VG16(서열번호 1811), GBA_VG17(서열번호 1812), GBA_VG18(서열번호 1813), GBA_VG19(서열번호 1814) 및 GBA_VG20(서열번호 1815)) 상에 나타낸 바이러스 게놈을 포함하는 AAV2 벡터를 사용한 형질도입 후 제7일에 GD-II 환자-유래 섬유아세포로부터의 세포 용해물

에서의 GBA 기질 글루코실스핑고신(GlcSph, ng/mg Lamp1)의 수준을 도시한다.

도 5는 GBA 단백질을 암호화하는 서열번호 1773의 제1 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열, GBA 단백질을 암호화하는 서열번호 1781의 제2 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열 및 야생형 GBA 단백질을 암호화하는 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열의 GC 함량 및 분포를 도시한다.

도 6a 내지 **도 6b**는 AAV2 벡터화된 바이러스 게놈 작제물: GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG17(서열번호 1812) 및 GBA_VG21(서열번호 1816)에 의해 발현된 GBA 단백질의 활성을 비교한다. **도 6a**는 AAV가 없는 대조군과 비교하여 $10^{4.5}$의 MOI로 X-축(GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG17(서열번호 1812) 및 GBA_VG21(서열번호 1816)) 상에 나타낸 바이러스 게놈 작제물을 포함하는 AAV2 바이러스 입자로 처리된 GD-II 환자 섬유아세포에서의 단백질의 mg으로 정규화된 GCase 활성(RFU/mℓ)을 도시한다. **도 6b**는 10^{6}의 MOI로 X-축(왼쪽에서 오른쪽으로 GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG17(서열번호 1812) 및 GBA_VG21(서열번호 1816)) 상에 나타낸 바이러스 게놈 작제물을 포함하는 AAV2 바이러스 입자 또는 무 AAV 처리 대조군으로 처리된 GD-II 환자 섬유아세포로부터의 세포 용해물에서의 글루코실스핑고신(GlcSph)(ng/mℓ Lamp1)을 도시한다.

도 7은 AAV가 없는 대조군과 비교하여 $10^{3.5}$ 또는 $10^{4.5}$의 MOI에서 GBA_VG33(서열번호 1828)을 포함하는 AAV2 벡터 또는 GBA_VG17(서열번호 1812)을 포함하는 AAV2 벡터가 형질도입된 래트 배아 후근 신경절(dorsal root ganglion: DRG) 뉴런에서의 단백질의 mg당 GCase 활성(RFU/mℓ)을 도시한다.

도 8은 2e13 vg/kg의 VOY101.GBA_VG17(서열번호 1812) IV 주사 후 1개월에 야생형 마우스의 피질, 선조체, 시상, 뇌간, 소뇌 및 간에서 생체분포(VG/세포) 대 GCase 활성(RFU/mℓ, 내인성 GCase 활성에 대한 배수, 단백질의 mg으로 정규화됨)을 도시한다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0424] **개요**

[0425] 특히, 단백질, 예를 들어, GBA 단백질의 전달, 예를 들어, 벡터화된 전달을 위한 단리된, 예를 들어, 재조합 바이러스 입자, 예를 들어, AAV 입자를 포함하는 조성물, 및 이의 제조 및 사용 방법이 본 명세서에 기재된다. 아데노-관련 바이러스(AAV)는 단일 가닥 DNA 바이러스 게놈을 특징으로 하는 파보비리다에(Parvoviridae)과의 작은 비외피형 20면체 캡시드 바이러스이다. 파보비리다에과 바이러스는 2개의 아과: 척추동물을 감염시키는 파보비리나에(Parvovirinae) 및 무척추동물을 감염시키는 덴소비리나에(Densovirinae)로 이루어진다. 파보비리다에과는 인간, 영장류, 소, 개, 말 및 양의 종을 포함하지만 이에 제한되지 않는 척추동물 숙주에서 복제할 수 있는 AAV를 포함하는 디펜도바이러스 속을 포함한다.

[0426] 파보바이러스 및 파보비리다에과의 다른 구성원은 일반적으로 전체 내용이 참조에 의해 원용되어 있는 문헌 [Kenneth I. Berns, "Parvoviridae: The Viruses and Their Replication," Chapter 69 in Fields Virology (3d Ed. 1996)]에 기술되어 있다.

[0427] AAV는 상대적으로 단순한 구조, 숙주 게놈에 통합되지 않고 복제하지 않으면서 광범위한 세포(휴지기 및 분열 세포 포함)를 감염시키는 능력 및 상대적으로 양성(benign)인 면역원성 프로파일로 인해 생물학적 도구로서 유용한 것으로 입증되었다. 바이러스의 게놈은 기능적 재조합 바이러스, 또는 특정 조직을 표적으로 하고 및 목적하는 페이로드를 발현 또는 전달하도록 로딩되거나 또는 조작되는 바이러스 입자의 조립을 위한 최소한의 성분을 포함하도록 조작될 수 있다. 바이러스의 게놈은 기능적 재조합 바이러스, 또는 목적하는 핵산 작제물 또는 페이로드, 예를 들어, 이식유전자, 폴리펩타이드-암호화 폴리뉴클레오타이드, 예를 들어, GBA 단백질, 예를 들어, GCase, GCase와 PSAP, GCase와 SapA 또는 GCase와 SapC, GCase와 세포 침투 펩타이드(예를 들어, ApoEII 펩타이드, TAT 펩타이드 또는 ApoB 펩타이드) 또는 GCase 및 표적 세포, 조직 또는 유기체에 전달될 수 있는 라이소솜 표적화 서열(LTS)을 발현 또는 전달하도록 로딩되거나 또는 조작되는 바이러스 입자의 조립을 위한 최소한의 성분을 포함하도록 변형될 수 있다. 일부 실시형태에서, 표적 세포는 CNS 세포이다. 일부 실시형태에서, 표적 조직은 CNS 조직이다. 표적 CNS 조직은 뇌 조직일 수 있다. 일부 실시형태에서, 뇌 표적은 미상, 피각, 시상, 상구, 피질 및 뇌량을 포함한다.

[0428] 유전자 요법은 고셔병 및 루이소체 치매 및 관련 장애와 같은 단일-유전자 병인을 공유하는 PD 및 관련 질환에 대하나 대체 접근법을 제시한다. AAV는 다수의 유리한 특징으로 인해 유전자 요법 접근법에 일반적으로 사용된다. 이론에 얽매이지 않고, 일부 실시형태에서, 발현 벡터, 예를 들어, 아데노-관련 바이러스 벡터(AAV) 또는

AAV 입자, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 AAV 입자는 지속적이고 높은 농도를 달성하기 위해 GBA 단백질(예를 들어, GCase 및 관련 단백질)을 투여하고/하거나 전달하는 데 사용될 수 있으며, 이는 더 오래 지속되는 효능, 더 적은 투여량 치료, 광범위한 생체분포 및/또는 비-AAV 요법에 비해 GBA 단백질의 보다 일관된 수준을 가능하게 하는 것으로 여겨진다.

[0429] 아래 본 명세서의 실시예에서 입증된 바와 같이, 본 명세서에 기재된 조성물 및 방법은 (i) 대상체의 세포, 조직(예를 들어, CNS의 세포 또는 조직, 예를 들어, 피질, 선조체, 시상, 소뇌 및/또는 뇌간) 및/또는 체액(예를 들어, CSF 및/또는 혈청)에서의 증가된 GCase 활성; (ii) CNS(예를 들어, 피질, 선조체, 시상, 소뇌, 뇌간 및/또는 척수) 및 주변부(예를 들어, 간) 전반에 걸친 증가된 생체분포 및/또는 (iii) 다수의 뇌 영역(예를 들어, 피질, 시상 및 뇌간) 및 주변부(예를 들어, 간)에서 상승된 페이로드 발현, 예를 들어, GBA mRNA 발현을 포함하여 이전의 효소 대체 접근법과 비교하여 개선된 특징을 제공한다. 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 최적화된 뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 서열번호 1773)을 포함하는 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 AAV 바이러스 게놈은 CNS에서 높은 생체분포; CNS, 말초 조직 및/또는 체액에서의 증가된 GCase 활성; 및 성공적인 이식유전자 전사 및 발현을 초래한다. 본 명세서에 기재된 조성물 및 방법은 GBA 단백질 및/또는 GCase 활성의 결여와 관련된 장애, 예컨대, 신경병증성(CNS에 영향을 미침) 및 비신경병증성(비-CNS에 영향을 미침) 고셔병(예를 들어, 제1형 GD, 제2형 GD 또는 제3형 GD), GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD 및 루이소체 치매(DLB)의 치료에 사용될 수 있다.

[0430] **I. 조성물**

[0431] *아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터*

[0432] AAV는 복제를 담당하는 단백질(Rep)을 암호화하는 2개의 오픈 리딩 프레임 및 캡시드의 구조 단백질(Cap)을 포함하는 약 5,000개의 뉴클레오타이드 길이의 게놈을 가지고 있다. 오픈 리딩 프레임은 바이러스 게놈의 복제 기점 역할을 하는 2개의 역 말단 반복(ITR) 서열의 측면에 있다. 야생형 AAV 바이러스 게놈은 2개의 오픈 리딩 프레임에 대한 뉴클레오타이드 서열을 포함하며, 하나는 4개의 비구조 Rep 단백질(Rep78, Rep68, Rep52, Rep40, Rep 유전자에 의해 암호화됨)에 대한 것이고, 다른 하나는 3개의 캡시드 또는 구조 단백질(VP1, VP2, VP3, 캡시드 유전자 또는 Cap 유전자에 의해 암호화됨)에 대한 것이다. Rep 단백질은 복제 및 패키징에 중요한 반면, 캡시드 단백질은 조립되어 AAV의 단백질 셸 또는 AAV 캡시드를 생성한다. 대체 스플라이싱 및 대체 개시 코돈 및 프로모터는 단일 오픈 리딩 프레임으로부터 4개의 상이한 Rep 단백질을 생성하고, 단일 오픈 리딩 프레임으로부터 3개의 캡시드 단백질을 생성한다. 비제한적인 예로서 AAV 혈청형에 따라 다르지만, AAV9/hu.14(전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 US 7,906,111의 서열번호 123) VP1는 1번 내지 736번 아미노산을 지칭하고, VP2는 138번 내지 736번 아미노산을 지칭하며, VP3은 203번 내지 736번 아미노산을 지칭한다. 또 다른 비제한적인 예로서, VP1은 서열번호 1에 따라 넘버링된 1번 내지 743번 아미노산을 지칭하고, VP2는 서열번호 1에 따라 넘버링된 138번 내지 743번 아미노산을 지칭하며, VP3은 서열번호 1에 따라 넘버링된 203번 내지 743번 아미노산을 지칭한다. 즉, VP1은 전장 캡시드 서열인 반면, VP2 및 VP3은 전체의 더 짧은 성분이다. 결과적으로, VP3 영역의 서열의 변화는 VP1 및 VP2의 변화이기도 하지만, 그러나, 모 서열과 비교하여 백분율의 차이는 VP3이 셋 중 가장 짧은 서열이기 때문에 VP3에서 가장 클 것이다. 본 명세서에서는 아미노산 서열과 관련하여 기재하였지만, 이들 단백질을 암호화하는 핵산 서열도 유사하게 기재될 수 있다. 3개의 캡시드 단백질은 함께 조립되어 AAV 캡시드 단백질을 생성한다. 이론에 얽매이지 않고, AAV 캡시드 단백질은 전형적으로 1:1:10의 VP1:VP2:VP3의 몰비를 포함한다. 본 명세서에서 사용되는 "AAV 혈청형"은 주로 AAV 캡시드에 의해 정의된다. 일부 예에서, ITR은 또한 AAV 혈청형(예를 들어, AAV2/9)으로 구체적으로 기재된다.

[0433] AAV 벡터는 전형적으로 세포에서 생산적인 감염을 일으키기 위해 보조 헬퍼(예를 들어, 아데노바이러스)를 필요로 한다. 이러한 헬퍼 기능이 없으면, AAV 비리온은 본질적으로 숙주 세포에는 들어가지만 세포의 게놈에 통합되지는 않는다.

[0434] AAV 벡터는 몇 가지 독특한 특징으로 인해 유전자 치료제의 전달에 대해 조사되었다. 특징의 비제한적인 예는 (i) 분열 및 비-분열 세포 모두를 감염시키는 능력; (ii) 인간 세포를 포함하여 감염성에 대한 광범위한 숙주 범위; (iii) 야생형 AAV는 임의의 질환과 관련되지 않았으며 감염된 세포에서 복제하는 것으로 나타나지 않음; (iv) 벡터에 대한 세포-매개성 면역 반응의 결여 및 (v) 숙주 염색체의 비-통합적 특성으로 인해 장기적인 유전적 변경 가능성의 감소를 포함한다. 더욱이, AAV 벡터의 감염은 세포 유전자 발현의 패턴 변화에 최소한의 영향을 미친다(Stilwell and Samulski *et al.*, Biotechniques, 2003, 34, 148, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있음).

[0435] 전형적으로, GCase 단백질 전달을 위한 AAV 벡터는 바이러스 게놈 내에서 기능적 Rep 및 Cap 단백질을 암호화하는 서열이 없기 때문에 복제 결함이 있는 재조합 바이러스 벡터일 수 있다. 경우에 따라, 결함이 있는 AAV 벡터는 대부분 또는 모든 코딩 서열이 결여되어 있을 수 있으며, 본질적으로 1개 또는 2개의 AAV ITR 서열 및 페이로드 서열만을 포함한다. 소정의 실시형태에서, 바이러스 게놈은 GCase 단백질을 암호화한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 GCase 단백질 및 SapA 단백질을 암호화한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 GCase 단백질 및 SapC 단백질을 암호화한다. 예를 들어, 바이러스 게놈은 인간 GCase, 인간 GCase + SapA 또는 인간 GCase + SapC 단백질(들)을 암호화할 수 있다.

[0436] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 하나 이상의 라이소솜 표적화 서열(LTS)을 포함할 수 있다.

[0437] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 하나 이상의 세포 침투 펩타이드 서열(CPP)을 포함할 수 있다.

[0438] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 하나 이상의 라이소솜 표적화 서열 및 하나 이상의 세포 침투 서열을 포함할 수 있다.

[0439] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 포유동물 세포에 도입될 수 있다.

[0440] AAV 벡터는 전달의 효율을 향상시키기 위해 변형될 수 있다. 본 개시내용의 이러한 변형된 AAV 벡터는 효율적으로 패키징될 수 있고, 표적 세포를 높은 빈도 및 최소한의 독성으로 성공적으로 감염시키는 데 사용될 수 있다.

[0441] 다른 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 GCase 단백질을 중추신경계(예를 들어, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제6,180,613호 참조) 또는 CNS의 특정 조직으로 전달하는 데 사용될 수 있다.

[0442] 본 명세서에서 사용되는 용어 "AAV 벡터" 또는 "AAV 입자"는 페이로드를 포함하는 캡시드 및 바이러스 게놈을 포함한다. 본 명세서에서 사용되는 "페이로드" 또는 "페이로드 영역"은 바이러스 게놈에 의해 또는 그 내부에 암호화된 하나 이상의 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 영역, 또는 이러한 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 영역의 발현 산물, 예를 들어, 이식유전자, 폴리펩타이드 또는 다중-폴리펩타이드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드의 발현 산물, 예를 들어, GCase 단백질을 지칭한다.

[0443] 본 명세서에 기재된 조성물은 이들의 기능에 실질적인 영향을 미치지 않는 추가적인 보존적 또는 비필수 아미노산 치환을 가질 수 있음이 이해된다.

[0444] *AAV 혈청형*

[0445] 본 개시내용의 AAV 입자는 임의의 천연 또는 재조합 AAV 혈청형을 포함할 수 있거나 또는 이로부터 유래될 수 있다. 본 개시내용에 따르면, AAV 입자는 혈청형을 이용하거나 이를 기반으로 할 수 있거나 또는 다음 중 임의의 것으로부터 선택되는 펩타이드를 포함할 수 있다: VOY101, VOY201, AAVPHP.B(PHP.B), AAVPHP.A(PHP.A), AAVG2B-26, AAVG2B-13, AAVTH1.1-32, AAVTH1.1-35, AAVPHP.B2(PHP.B2), AAVPHP.B3(PHP.B3), AAVPHP.N/PHP.B-DGT, AAVPHP.B-EST, AAVPHP.B-GGT, AAVPHP.B-ATP, AAVPHP.B-ATT-T, AAVPHP.B-DGT-T, AAVPHP.B-GGT-T, AAVPHP.B-SGS, AAVPHP.B-AQP, AAVPHP.B-QQP, AAVPHP.B-SNP(3), AAVPHP.B-SNP, AAVPHP.B-QGT, AAVPHP.B-NQT, AAVPHP.B-EGS, AAVPHP.B-SGN, AAVPHP.B-EGT, AAVPHP.B-DST, AAVPHP.B-DST, AAVPHP.B-STP, AAVPHP.B-PQP, AAVPHP.B-SQP, AAVPHP.B-QLP, AAVPHP.B-TMP, AAVPHP.B-TTP, AAVPHP.S/G2A12, AAVG2A15/G2A3(G2A3), AAVG2B4(G2B4), AAVG2B5(G2B5), PHP.S, AAV1, AAV2, AAV2G9, AAV3, AAV3a, AAV3b, AAV3-3, AAV4, AAV4-4, AAV5, AAV6, AAV6.1, AAV6.2, AAV6.1.2, AAV7, AAV7.2, AAV8, AAV9, AAV9.11, AAV9.13, AAV9.16, AAV9.24, AAV9.45, AAV9.47, AAV9.61, AAV9.68, AAV9.84, AAV9.9, AAV10, AAV11, AAV12, AAV16.3, AAV24.1, AAV27.3, AAV42.12, AAV42-1b, AAV42-2, AAV42-3a, AAV42-3b, AAV42-4, AAV42-5a, AAV42-5b, AAV42-6b, AAV42-8, AAV42-10, AAV42-11, AAV42-12, AAV42-13, AAV42-15, AAV42-aa, AAV43-1, AAV43-12, AAV43-20, AAV43-21, AAV43-23, AAV43-25, AAV43-5, AAV44.1, AAV44.2, AAV44.5, AAV223.1, AAV223.2, AAV223.4, AAV223.5, AAV223.6, AAV223.7, AAV1-7/rh.48, AAV1-8/rh.49, AAV2-15/rh.62, AAV2-3/rh.61, AAV2-4/rh.50, AAV2-5/rh.51, AAV3.1/hu.6, AAV3.1/hu.9, AAV3-9/rh.52, AAV3-11/rh.53, AAV4-8/r11.64, AAV4-9/rh.54, AAV4-19/rh.55, AAV5-3/rh.57, AAV5-22/rh.58, AAV7.3/hu.7, AAV16.8/hu.10, AAV16.12/hu.11, AAV29.3/bb.1, AAV29.5/bb.2, AAV106.1/hu.37, AAV114.3/hu.40, AAV127.2/hu.41, AAV127.5/hu.42, AAV128.3/hu.44, AAV130.4/hu.48, AAV145.1/hu.53, AAV145.5/hu.54, AAV145.6/hu.55, AAV161.10/hu.60, AAV161.6/hu.61, AAV33.12/hu.17, AAV33.4/hu.15, AAV33.8/hu.16, AAV52/hu.19, AAV52.1/hu.20, AAV58.2/hu.25, AAVA3.3, AAVA3.4, AAVA3.5, AAVA3.7, AAVC1, AAVC2, AAVC5, AAV-DJ, AAV-DJ8, AAVF3, AAVF5, AAVH2, AAVrh.72,

AAVhu.8, AAVrh.68, AAVrh.70, AAVpi.1, AAVpi.3, AAVpi.2, AAVrh.60, AAVrh.44, AAVrh.65, AAVrh.55, AAVrh.47, AAVrh.69, AAVrh.45, AAVrh.59, AAVhu.12, AAVH6, AAVLK03, AAVH-1/hu.1, AAVH-5/hu.3, AAVLG-10/rh.40, AAVLG-4/rh.38, AAVLG-9/hu.39, AAVN721-8/rh.43, AAVCh.5, AAVCh.5R1, AAVcy.2, AAVcy.3, AAVcy.4, AAVcy.5, AAVCy.5R1, AAVCy.5R2, AAVCy.5R3, AAVCy.5R4, AAVcy.6, AAVhu.1, AAVhu.2, AAVhu.3, AAVhu.4, AAVhu.5, AAVhu.6, AAVhu.7, AAVhu.9, AAVhu.10, AAVhu.11, AAVhu.13, AAVhu.15, AAVhu.16, AAVhu.17, AAVhu.18, AAVhu.20, AAVhu.21, AAVhu.22, AAVhu.23.2, AAVhu.24, AAVhu.25, AAVhu.27, AAVhu.28, AAVhu.29, AAVhu.29R, AAVhu.31, AAVhu.32, AAVhu.34, AAVhu.35, AAVhu.37, AAVhu.39, AAVhu.40, AAVhu.41, AAVhu.42, AAVhu.43, AAVhu.44, AAVhu.44R1, AAVhu.44R2, AAVhu.44R3, AAVhu.45, AAVhu.46, AAVhu.47, AAVhu.48, AAVhu.48R1, AAVhu.48R2, AAVhu.48R3, AAVhu.49, AAVhu.51, AAVhu.52, AAVhu.54, AAVhu.55, AAVhu.56, AAVhu.57, AAVhu.58, AAVhu.60, AAVhu.61, AAVhu.63, AAVhu.64, AAVhu.66, AAVhu.67, AAVhu.14/9, AAVhu.t 19, AAVrh.2, AAVrh.2R, AAVrh.8, AAVrh.8R, AAVrh.10, AAVrh.12, AAVrh.13, AAVrh.13R, AAVrh.14, AAVrh.17, AAVrh.18, AAVrh.19, AAVrh.20, AAVrh.21, AAVrh.22, AAVrh.23, AAVrh.24, AAVrh.25, AAVrh.31, AAVrh.32, AAVrh.33, AAVrh.34, AAVrh.35, AAVrh.36, AAVrh.37, AAVrh.37R2, AAVrh.38, AAVrh.39, AAVrh.40, AAVrh.46, AAVrh.48, AAVrh.48.1, AAVrh.48.1.2, AAVrh.48.2, AAVrh.49, AAVrh.51, AAVrh.52, AAVrh.53, AAVrh.54, AAVrh.56, AAVrh.57, AAVrh.58, AAVrh.61, AAVrh.64, AAVrh.64R1, AAVrh.64R2, AAVrh.67, AAVrh.73, AAVrh.74, AAVrh8R, AAVrh8R A586R 돌연변이체, AAVrh8R R533A 돌연변이체, AAAV, BAAV, 염소 AAV, 소 AAV, AAVhE1.1, AAVhEr1.5, AAVhER1.14, AAVhEr1.8, AAVhEr1.16, AAVhEr1.18, AAVhEr1.35, AAVhEr1.7, AAVhEr1.36, AAVhEr2.29, AAVhEr2.4, AAVhEr2.16, AAVhEr2.30, AAVhEr2.31, AAVhEr2.36, AAVhER1.23, AAVhEr3.1, AAV2.5T, AAV-PAEC, AAV-LK01, AAV-LK02, AAV-LK03, AAV-LK04, AAV-LK05, AAV-LK06, AAV-LK07, AAV-LK08, AAV-LK09, AAV-LK10, AAV-LK11, AAV-LK12, AAV-LK13, AAV-LK14, AAV-LK15, AAV-LK16, AAV-LK17, AAV-LK18, AAV-LK19, AAV-PAEC2, AAV-PAEC4, AAV-PAEC6, AAV-PAEC7, AAV-PAEC8, AAV-PAEC11, AAV-PAEC12, AAV-2-pre-miRNA-101, AAV-8h, AAV-8b, AAV-h, AAV-b, AAV SM 10-2, AAV 셔플 100-1, AAV 셔플 100-3, AAV 셔플 100-7, AAV 셔플 10-2, AAV 셔플 10-6, AAV 셔플 10-8, AAV 셔플 100-2, AAV SM 10-1, AAV SM 10-8, AAV SM 100-3, AAV SM 100-10, BNP61 AAV, BNP62 AAV, BNP63 AAV, AAVrh.50, AAVrh.43, AAVrh.62, AAVrh.48, AAVhu.19, AAVhu.11, AAVhu.53, AAV4-8/rh.64, AAVLG-9/hu.39, AAV54.5/hu.23, AAV54.2/hu.22, AAV54.7/hu.24, AAV54.1/hu.21, AAV54.4R/hu.27, AAV46.2/hu.28, AAV46.6/hu.29, AAV128.1/hu.43, 트루 타입 AAV(ttAAV), UPENN AAV 10, 재패니스 AAV 10 혈청형, AAV CBr-7.1, AAV CBr-7.10, AAV CBr-7.2, AAV CBr-7.3, AAV CBr-7.4, AAV CBr-7.5, AAV CBr-7.7, AAV CBr-7.8, AAV CBr-B7.3, AAV CBr-B7.4, AAV CBr-E1, AAV CBr-E2, AAV CBr-E3, AAV CBr-E4, AAV CBr-E5, AAV CBr-e5, AAV CBr-E6, AAV CBr-E7, AAV CBr-E8, AAV CHt-1, AAV CHt-2, AAV CHt-3, AAV CHt-6.1, AAV CHt-6.10, AAV CHt-6.5, AAV CHt-6.6, AAV CHt-6.7, AAV CHt-6.8, AAV CHt-P1, AAV CHt-P2, AAV CHt-P5, AAV CHt-P6, AAV CHt-P8, AAV CHt-P9, AAV CKd-1, AAV CKd-10, AAV CKd-2, AAV CKd-3, AAV CKd-4, AAV CKd-6, AAV CKd-7, AAV CKd-8, AAV CKd-B1, AAV CKd-B2, AAV CKd-B3, AAV CKd-B4, AAV CKd-B5, AAV CKd-B6, AAV CKd-B7, AAV CKd-B8, AAV CKd-H1, AAV CKd-H2, AAV CKd-H3, AAV CKd-H4, AAV CKd-H5, AAV CKd-H6, AAV CKd-N3, AAV CKd-N4, AAV CKd-N9, AAV CLg-F1, AAV CLg-F2, AAV CLg-F3, AAV CLg-F4, AAV CLg-F5, AAV CLg-F6, AAV CLg-F7, AAV CLg-F8, AAV CLv-1, AAV CLv1-1, AAV C1v1-10, AAV CLv1-2, AAV CLv-12, AAV CLv1-3, AAV CLv-13, AAV CLv1-4, AAV C1v1-7, AAV C1v1-8, AAV C1v1-9, AAV CLv-2, AAV CLv-3, AAV CLv-4, AAV CLv-6, AAV CLv-8, AAV CLv-D1, AAV CLv-D2, AAV CLv-D3, AAV CLv-D4, AAV CLv-D5, AAV CLv-D6, AAV CLv-D7, AAV CLv-D8, AAV CLv-E1, AAV CLv-K1, AAV CLv-K3, AAV CLv-K6, AAV CLv-L4, AAV CLv-L5, AAV CLv-L6, AAV CLv-M1, AAV CLv-M11, AAV CLv-M2, AAV CLv-M5, AAV CLv-M6, AAV CLv-M7, AAV CLv-M8, AAV CLv-M9, AAV CLv-R1, AAV CLv-R2, AAV CLv-R3, AAV CLv-R4, AAV CLv-R5, AAV CLv-R6, AAV CLv-R7, AAV CLv-R8, AAV CLv-R9, AAV CSp-1, AAV CSp-10, AAV CSp-11, AAV CSp-2, AAV CSp-3, AAV CSp-4, AAV CSp-6, AAV CSp-7, AAV CSp-8, AAV CSp-8.10, AAV CSp-8.2, AAV CSp-8.4, AAV CSp-8.5, AAV CSp-8.6, AAV CSp-8.7, AAV CSp-8.8, AAV CSp-8.9, AAV CSp-9, AAV.hu.48R3, AAV.VR-355, AAV3B, AAV4, AAV5, AAVF1/HSC1, AAVF11/HSC11, AAVF12/HSC12, AAVF13/HSC13, AAVF14/HSC14, AAVF15/HSC15, AAVF16/HSC16, AAVF17/HSC17, AAVF2/HSC2, AAVF3/HSC3, AAVF4/HSC4, AAVF5/HSC5, AAVF6/HSC6, AAVF7/HSC7, AAVF8/HSC8 및/또는 AAVF9/HSC9 및 이들의 변이체.

[0446] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV1(US20030138772의 서열번호 6 및 64), AAV2(US20030138772의 서열번호 7 및 70), AAV3(US20030138772의 서열번호 8 및 71), AAV4(US20030138772의 서열번호 63), AAV5(US20030138772의 서열번호 114), AAV6(US20030138772의 서열번호 65), AAV7(US20030138772의 서열번호 1 내지 3), AAV8(US20030138772의 서열번호 4 및 95), AAV9(US20030138772의 서열번호 5 및 100), AAV10(US20030138772의

서열번호 117), AAV11(US20030138772의 서열번호 118), AAV12(US20030138772의 서열번호 119), AAVrh10(US20030138772의 서열번호 81의 1번 내지 738번 아미노산), AAV16.3(US20030138772 서열번호 10), AAV29.3/bb.1(US20030138772 서열번호 11), AAV29.4(US20030138772 서열번호 12), AAV29.5/bb.2(US20030138772 서열번호 13), AAV1.3(US20030138772 서열번호 14), AAV13.3(US20030138772 서열번호 15), AAV24.1(US20030138772 서열번호 16), AAV27.3(US20030138772 서열번호 17), AAV7.2(US20030138772 서열번호 18), AAVC1(US20030138772 서열번호 19), AAVC3(US20030138772 서열번호 20), AAVC5(US20030138772 서열번호 21), AAVF1(US20030138772 서열번호 22), AAVF3(US20030138772 서열번호 23), AAVF5(US20030138772 서열번호 24), AAVH6(US20030138772 서열번호 25), AAVH2(US20030138772 서열번호 26), AAV42-8(US20030138772 서열번호 27), AAV42-15(US20030138772 서열번호 28), AAV42-5b(US20030138772 서열번호 29), AAV42-1b(US20030138772 서열번호 30), AAV42-13(US20030138772 서열번호 31), AAV42-3a(US20030138772 서열번호 32), AAV42-4(US20030138772 서열번호 33), AAV42-5a(US20030138772 서열번호 34), AAV42-10(US20030138772 서열번호 35), AAV42-3b(US20030138772 서열번호 36), AAV42-11(US20030138772 서열번호 37), AAV42-6b(US20030138772 서열번호 38), AAV43-1(US20030138772 서열번호 39), AAV43-5(US20030138772 서열번호 40), AAV43-12(US20030138772 서열번호 41), AAV43-20(US20030138772 서열번호 42), AAV43-21(US20030138772 서열번호 43), AAV43-23(US20030138772 서열번호 44), AAV43-25(US20030138772 서열번호 45), AAV44.1(US20030138772 서열번호 46), AAV44.5(US20030138772 서열번호 47), AAV223.1(US20030138772 서열번호 48), AAV223.2(US20030138772 서열번호 49), AAV223.4(US20030138772 서열번호 50), AAV223.5(US20030138772 서열번호 51), AAV223.6(US20030138772 서열번호 52), AAV223.7(US20030138772 서열번호 53), AAVA3.4(US20030138772 서열번호 54), AAVA3.5(US20030138772 서열번호 55), AAVA3.7(US20030138772 서열번호 56), AAVA3.3(US20030138772 서열번호 57), AAV42.12(US20030138772 서열번호 58), AAV44.2(US20030138772 서열번호 59), AAV42-2(US20030138772 서열번호 9) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US20030138772호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0447] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV2(US20150159173의 서열번호 7 및 23), rh20(US20150159173의 서열번호 1), rh32/33(US20150159173의 서열번호 2), rh39(US20150159173의 서열번호 3, 20 및 36), rh46(US20150159173의 서열번호 4 및 22), rh73(US20150159173의 서열번호 5), rh74(US20150159173의 서열번호 6), AAV6.1(US20150159173의 서열번호 29), rh.8(US20150159173의 서열번호 41), rh.48.1(US20150159173의 서열번호 44), hu.44(US20150159173의 서열번호 45), hu.29(US20150159173의 서열번호 42), hu.48(US20150159173의 서열번호 38), rh54(US20150159173의 서열번호 49), AAV2(US20150159173의 서열번호 7), cy.5(US20150159173의 서열번호 8 및 24), rh.10(US20150159173의 서열번호 9 및 25), rh.13(US20150159173의 서열번호 10 및 26), AAV1(US20150159173의 서열번호 11 및 27), AAV3(US20150159173의 서열번호 12 및 28), AAV6(US20150159173의 서열번호 13 및 29), AAV7(US20150159173의 서열번호 14 및 30), AAV8(US20150159173의 서열번호 15 및 31), hu.13(US20150159173의 서열번호 16 및 32), hu.26(US20150159173의 서열번호 17 및 33), hu.37(US20150159173의 서열번호 18 및 34), hu.53(US20150159173의 서열번호 19 및 35), rh.43(US20150159173의 서열번호 21 및 37), rh2(US20150159173의 서열번호 39), rh.37(US20150159173의 서열번호 40), rh.64(US20150159173의 서열번호 43), rh.48(US20150159173의 서열번호 44), ch.5(US20150159173의 서열번호 46), rh.67(US20150159173의 서열번호 47), rh.58(US20150159173의 서열번호 48), 또는 Cy5R1, Cy5R2, Cy5R3, Cy5R4, rh.13R, rh.37R2, rh.2R, rh.8R, rh.48.1, rh.48.2, rh.48.1.2, hu.44R1, hu.44R2, hu.44R3, hu.29R, ch.5R1, rh64R1, rh64R2, AAV6.2, AAV6.1, AAV6.12, hu.48R1, hu.48R2 및 hu.48R3을 포함하지만 이에 제한되지 않는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US20150159173호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0448] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV9(US 7198951의 서열번호 1 내지 3), AAV2(US 7198951의 서열번호 4), AAV1(US 7198951의 서열번호 5), AAV3(US 7198951의 서열번호 6) 및 AAV8(US7198951의 서열번호 7)과 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 7198951호에 기재되어 있는 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0449] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV9.9, AAV9.11, AAV9.13, AAV9.16, AAV9.24, AAV9.45, AAV9.47, AAV9.61, AAV9.68, AAV9.84와 같으나 이에 제한되지 않는 문헌[N Pulicherla *et al.* (Molecular Therapy 19(6):1070-1078 (2011)](전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용됨)에 기재된 바와 같은 AAV9 서열의 돌연변이일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0450] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV3B(US 6156303의 서열번호 1 및 10), AAV6(US 6156303의 서열번호 2, 7 및 11), AAV2(US 6156303의 서열번호 3 및 8), AAV3A(US 6156303의 서열번호 4 및 9) 또는 이들의 유도체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 6156303호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0451] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV8(US20140359799의 서열번호 1), AAVDJ(US20140359799의 서열번호 2 및 3) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US20140359799호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0452] 일부 실시형태에서, 혈청형은 문헌[Grimm *et al.* (Journal of Virology 82(12): 5887-5911 (2008)](전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용됨)에 기재된 바와 같은 AAVDJ 또는 이들의 변이체, 예컨대, AAVDJ8(또는 AAV-DJ8)일 수 있다. AAVDJ8의 아미노산 서열은 헤파린 결합 도메인(heparin binding domain: HBD)을 제거하기 위해 2개 이상의 돌연변이를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제7,588,772호에 서열번호 1로 기재된 AAV-DJ 서열은 다음 2개의 돌연변이를 포함할 수 있다: (1) 587번 아미노산의 아르기닌(R; Arg)이 글루타민(Q; Gln)으로 변경된 R587Q 및 (2) 590번 아미노산의 아르기닌(R; Arg)이 트레오닌(T; Thr)으로 변경된 R590T. 또 다른 비제한적인 예로서, 다음 3개의 돌연변이를 포함할 수 있다: (1) 406번 아미노산의 라이신(K; Lys)이 아르기닌(R; Arg)으로 변경된 K406R, (2) 587번 아미노산의 아르기닌(R; Arg)이 글루타민(Q; Gln)으로 변경된 R587Q 및 (3) 590번 아미노산의 아르기닌(R; Arg)이 트레오닌(T; Thr)으로 변경된 R590T.

[0453] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV4(WO1998011244의 서열번호 1 내지 20)와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO1998011244호에 기재된 바와 같은 AAV4의 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0454] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2014144229호에 기재된 바와 같은 AAV2G9를 생성하기 위한 AAV2 서열의 돌연변이일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0455] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV3-3(WO2005033321의 서열번호 217), AAV1(WO2005033321의 서열번호 219 및 202), AAV106.1/hu.37(WO2005033321의 서열번호 10), AAV114.3/hu.40(WO2005033321의 서열번호 11), AAV127.2/hu.41(WO2005033321의 서열번호 6 및 8), AAV128.3/hu.44(WO2005033321의 서열번호 81), AAV130.4/hu.48(WO2005033321의 서열번호 78), AAV145.1/hu.53(WO2005033321의 서열번호 176 및 177), AAV145.6/hu.56(WO2005033321의 서열번호 168 및 192), AAV16.12/hu.11(WO2005033321의 서열번호 153 및 57), AAV16.8/hu.10(WO2005033321의 서열번호 156 및 56), AAV161.10/hu.60(WO2005033321의 서열번호 170), AAV161.6/hu.61(WO2005033321의 서열번호 174), AAV1-7/rh.48(WO2005033321의 서열번호 32), AAV1-8/rh.49(WO2005033321의 서열번호 103 및 25), AAV2(WO2005033321의 서열번호 211 및 221), AAV2-15/rh.62(WO2005033321의 서열번호 33 및 114), AAV2-3/rh.61(WO2005033321의 서열번호 21), AAV2-4/rh.50(WO2005033321의 서열번호 23 및 108), AAV2-5/rh.51(WO2005033321의 서열번호 104 및 22), AAV3.1/hu.6(WO2005033321의 서열번호 5 및 84), AAV3.1/hu.9(WO2005033321의 서열번호 155 및 58), AAV3-11/rh.53(WO2005033321의 서열번호 186 및 176), AAV3-3(WO2005033321의 서열번호 200), AAV33.12/hu.17(WO2005033321의 서열번호 4), AAV33.4/hu.15(WO2005033321의 서열번호 50), AAV33.8/hu.16(WO2005033321의 서열번호 51), AAV3-9/rh.52(WO2005033321의 서열번호 96 및 18), AAV4-19/rh.55(WO2005033321의 서열번호 117), AAV4-4(WO2005033321의 서열번호 201 및 218), AAV4-9/rh.54(WO2005033321의 서열번호 116), AAV5(WO2005033321의 서열번호 199 및 216), AAV52.1/hu.20(WO2005033321의 서열번호 63), AAV52/hu.19(WO2005033321의 서열번호 133), AAV5-22/rh.58(WO2005033321의 서열번호 27), AAV5-3/rh.57(WO2005033321의 서열번호 105), AAV5-3/rh.57(WO2005033321의 서열번호 26), AAV58.2/hu.25(WO2005033321의 서열번호 49), AAV6(WO2005033321의 서열번호 203 및 220), AAV7(WO2005033321의 서열번호 222 및 213), AAV7.3/hu.7(WO2005033321의 서열번호 55), AAV8(WO2005033321의 서열번호 223 및 214), AAVH-1/hu.1(WO2005033321의 서열번호 46), AAVH-5/hu.3(WO2005033321의 서열번호 44), AAVhu.1(WO2005033321의 서열번호 144), AAVhu.10(WO2005033321의 서열번호 156), AAVhu.11(WO2005033321의 서열번호 153), AAVhu.12(WO2005033321 서열번호 59), AAVhu.13(WO2005033321의 서열번호 129), AAVhu.14/AAV9(WO2005033321의 서열번호 123 및 3), AAVhu.15(WO2005033321의 서열번호 147), AAVhu.16(WO2005033321의 서열번호 148), AAVhu.17(WO2005033321의 서열번호 83), AAVhu.18(WO2005033321의 서열번호 149), AAVhu.19(WO2005033321의 서열번호 133), AAVhu.2(WO2005033321의 서열번호 143), AAVhu.20(WO2005033321의 서열번호 134), AAVhu.21(WO2005033321의 서

열번호 135), AAVhu.22(WO2005033321의 서열번호 138), AAVhu.23.2(WO2005033321의 서열번호 137), AAVhu.24(WO2005033321의 서열번호 136), AAVhu.25(WO2005033321의 서열번호 146), AAVhu.27(WO2005033321의 서열번호 140), AAVhu.29(WO2005033321의 서열번호 132), AAVhu.3(WO2005033321의 서열번호 145), AAVhu.31(WO2005033321의 서열번호 121), AAVhu.32(WO2005033321의 서열번호 122), AAVhu.34(WO2005033321의 서열번호 125), AAVhu.35(WO2005033321의 서열번호 164), AAVhu.37(WO2005033321의 서열번호 88), AAVhu.39(WO2005033321의 서열번호 102), AAVhu.4(WO2005033321의 서열번호 141), AAVhu.40(WO2005033321의 서열번호 87), AAVhu.41(WO2005033321의 서열번호 91), AAVhu.42(WO2005033321의 서열번호 85), AAVhu.43(WO2005033321의 서열번호 160), AAVhu.44(WO2005033321의 서열번호 144), AAVhu.45(WO2005033321의 서열번호 127), AAVhu.46(WO2005033321의 서열번호 159), AAVhu.47(WO2005033321의 서열번호 128), AAVhu.48(WO2005033321의 서열번호 157), AAVhu.49(WO2005033321의 서열번호 189), AAVhu.51(WO2005033321의 서열번호 190), AAVhu.52(WO2005033321의 서열번호 191), AAVhu.53(WO2005033321의 서열번호 186), AAVhu.54(WO2005033321의 서열번호 188), AAVhu.55(WO2005033321의 서열번호 187), AAVhu.56(WO2005033321의 서열번호 192), AAVhu.57(WO2005033321의 서열번호 193), AAVhu.58(WO2005033321의 서열번호 194), AAVhu.6(WO2005033321의 서열번호 84), AAVhu.60(WO2005033321의 서열번호 184), AAVhu.61(WO2005033321의 서열번호 185), AAVhu.63(WO2005033321의 서열번호 195), AAVhu.64(WO2005033321의 서열번호 196), AAVhu.66(WO2005033321의 서열번호 197), AAVhu.67(WO2005033321의 서열번호 198), AAVhu.7(WO2005033321의 서열번호 150), AAVhu.8(WO2005033321 서열번호 12), AAVhu.9(WO2005033321의 서열번호 155), AAVLG-10/rh.40(WO2005033321의 서열번호 14), AAVLG-4/rh.38(WO2005033321의 서열번호 86), AAVLG-4/rh.38(WO2005033321의 서열번호 7), AAVN721-8/rh.43(WO2005033321의 서열번호 163), AAVN721-8/rh.43(WO2005033321의 서열번호 43), AAVpi.1(WO2005033321 서열번호 28), AAVpi.2(WO2005033321 서열번호 30), AAVpi.3(WO2005033321 서열번호 29), AAVrh.38(WO2005033321의 서열번호 86), AAVrh.40(WO2005033321의 서열번호 92), AAVrh.43(WO2005033321의 서열번호 163), AAVrh.44(WO2005033321 서열번호 34), AAVrh.45(WO2005033321 서열번호 41), AAVrh.47(WO2005033321 서열번호 38), AAVrh.48(WO2005033321의 서열번호 115), AAVrh.49(WO2005033321의 서열번호 103), AAVrh.50(WO2005033321의 서열번호 108), AAVrh.51(WO2005033321의 서열번호 104), AAVrh.52(WO2005033321의 서열번호 96), AAVrh.53(WO2005033321의 서열번호 97), AAVrh.55(WO2005033321 서열번호 37), AAVrh.56(WO2005033321의 서열번호 152), AAVrh.57(WO2005033321의 서열번호 105), AAVrh.58(WO2005033321의 서열번호 106), AAVrh.59(WO2005033321 서열번호 42), AAVrh.60(WO2005033321 서열번호 31), AAVrh.61(WO2005033321의 서열번호 107), AAVrh.62(WO2005033321의 서열번호 114), AAVrh.64(WO2005033321의 서열번호 99), AAVrh.65(WO2005033321 서열번호 35), AAVrh.68(WO2005033321 서열번호 16), AAVrh.69(WO2005033321 서열번호 39), AAVrh.70(WO2005033321 서열번호 20), AAVrh.72(WO2005033321 서열번호 9), 또는 AAVcy.2, AAVcy.3, AAVcy.4, AAVcy.5, AAVcy.6, AAVrh.12, AAVrh.17, AAVrh.18, AAVrh.19, AAVrh.21, AAVrh.22, AAVrh.23, AAVrh.24, AAVrh.25, AAVrh.25/42 15, AAVrh.31, AAVrh.32, AAVrh.33, AAVrh.34, AAVrh.35, AAVrh.36, AAVrh.37, AAVrh14를 포함하지만 이에 제한되지 않는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2005033321호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다. 변이체의 비제한적인 예는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 WO2005033321의 서열번호 13, 15, 17, 19, 24, 36, 40, 45, 47, 48, 51 내지 54, 60 내지 62, 64 내지 77, 79, 80, 82, 89, 90, 93 내지 95, 98, 100, 101, 109 내지 113, 118 내지 120, 124, 126, 131, 139, 142, 151, 154, 158, 161, 162, 165 내지 183, 202, 204 내지 212, 215, 219, 224 내지 236을 포함한다.

[0456] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAVrh8R(WO2015168666의 서열번호 9), AAVrh8R A586R 돌연변이체(WO2015168666의 서열번호 10), AAVrh8R R533A 돌연변이체(WO2015168666의 서열번호 11) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2015168666호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0457] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAVhE1.1(US9233131의 서열번호 44), AAVhEr1.5(US9233131의 서열번호 45), AAVhER1.14(US9233131의 서열번호 46), AAVhEr1.8(US9233131의 서열번호 47), AAVhEr1.16(US9233131의 서열번호 48), AAVhEr1.18(US9233131의 서열번호 49), AAVhEr1.35(US9233131의 서열번호 50), AAVhEr1.7(US9233131의 서열번호 51), AAVhEr1.36(US9233131의 서열번호 52), AAVhEr2.29(US9233131의 서열번호 53), AAVhEr2.4(US9233131의 서열번호 54), AAVhEr2.16(US9233131의 서열번호 55), AAVhEr2.30(US9233131의 서열번호 56), AAVhEr2.31(US9233131의 서열번호 58), AAVhEr2.36(US9233131의 서열번호 57), AAVhER1.23(US9233131의 서열번호 53), AAVhEr3.1(US9233131의 서열번호 59), AAV2.5T(US9233131의 서열번호 42) 또는 이들의 변이

체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US9233131호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0458] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV-PAEC(US20150376607의 서열번호 1), AAV-LK01(US20150376607의 서열번호 2), AAV-LK02(US20150376607의 서열번호 3), AAV-LK03(US20150376607의 서열번호 4), AAV-LK04(US20150376607의 서열번호 5), AAV-LK05(US20150376607의 서열번호 6), AAV-LK06(US20150376607의 서열번호 7), AAV-LK07(US20150376607의 서열번호 8), AAV-LK08(US20150376607의 서열번호 9), AAV-LK09(US20150376607의 서열번호 10), AAV-LK10(US20150376607의 서열번호 11), AAV-LK11(US20150376607의 서열번호 12), AAV-LK12(US20150376607의 서열번호 13), AAV-LK13(US20150376607의 서열번호 14), AAV-LK14(US20150376607의 서열번호 15), AAV-LK15(US20150376607의 서열번호 16), AAV-LK16(US20150376607의 서열번호 17), AAV-LK17(US20150376607의 서열번호 18), AAV-LK18(US20150376607의 서열번호 19), AAV-LK19(US20150376607의 서열번호 20), AAV-PAEC2(US20150376607의 서열번호 21), AAV-PAEC4(US20150376607의 서열번호 22), AAV-PAEC6(US20150376607의 서열번호 23), AAV-PAEC7(US20150376607의 서열번호 24), AAV-PAEC8(US20150376607의 서열번호 25), AAV-PAEC11(US20150376607의 서열번호 26), AAV-PAEC12(US20150376607의 서열번호 27) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US20150376607호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0459] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV-2-pre-miRNA-101(US9163261의 서열번호 1) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US9163261호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0460] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV-8h(US20150376240의 서열번호 6), AAV-8b(US20150376240의 서열번호 5), AAV-h(US20150376240의 서열번호 2), AAV-b(US20150376240의 서열번호 1) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US20150376240호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0461] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV SM 10-2(US20160017295의 서열번호 22), AAV 셔플 100-1(US20160017295의 서열번호 23), AAV 셔플 100-3(US20160017295의 서열번호 24), AAV 셔플 100-7(US20160017295의 서열번호 25), AAV 셔플 10-2(US20160017295의 서열번호 34), AAV 셔플 10-6(US20160017295의 서열번호 35), AAV 셔플 10-8(US20160017295의 서열번호 36), AAV 셔플 100-2(US20160017295의 서열번호 37), AAV SM 10-1(US20160017295의 서열번호 38), AAV SM 10-8(US20160017295의 서열번호 39), AAV SM 100-3(US20160017295의 서열번호 40), AAV SM 100-10(US20160017295의 서열번호 41) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US20160017295호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0462] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 BNP61 AAV(US20150238550의 서열번호 1), BNP62 AAV(US20150238550의 서열번호 3), BNP63 AAV(US20150238550의 서열번호 4) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US20150238550호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0463] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAVrh.50(US20150315612의 서열번호 108), AAVrh.43(US20150315612의 서열번호 163), AAVrh.62(US20150315612의 서열번호 114), AAVrh.48(US20150315612의 서열번호 115), AAVhu.19(US20150315612의 서열번호 133), AAVhu.11(US20150315612의 서열번호 153), AAVhu.53(US20150315612의 서열번호 186), AAV4-8/rh.64(US20150315612의 서열번호 15), AAVLG-9/hu.39(US20150315612의 서열번호 24), AAV54.5/hu.23(US20150315612의 서열번호 60), AAV54.2/hu.22(US20150315612의 서열번호 67), AAV54.7/hu.24(US20150315612의 서열번호 66), AAV54.1/hu.21(US20150315612의 서열번호 65), AAV54.4R/hu.27(US20150315612의 서열번호 64), AAV46.2/hu.28(US20150315612의 서열번호 68), AAV46.6/hu.29(US20150315612의 서열번호 69), AAV128.1/hu.43(US20150315612의 서열번호 80) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US20150315612호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0464] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 트루 타입 AAV(ttAAV)(WO2015121501의 서열번호 2), "UPenn AAV10"(WO2015121501의 서열번호 8), "재패니스 AAV10"(WO2015121501의 서열번호 9) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2015121501에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0465] 본 개시내용에 따르면, AAV 캡시드 혈청형 선택 또는 사용은 다양한 종으로부터 유래할 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV는조류 AAV(avian AAV: AAAV)일 수 있다. AAAV 혈청형은 AAAV(US 9,238,800의 서열번호 1, 2, 4, 6, 8, 10, 12 및 14) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 9238800호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0466] 일부 실시형태에서, AAV는 소 AAV(bovine AAV: BAAV)일 수 있다. BAAV 혈청형은 BAAV(US 9193769의 서열번호 1 및 6) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 9,193,769호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다. BAAV 혈청형은 BAAV(US7427396의 서열번호 5 및 6) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US7427396호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0467] 일부 실시형태에서, AAV는 염소 AAV일 수 있다. 염소 AAV 혈청형은 염소 AAV(US7427396의 서열번호 3) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US7427396호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0468] 다른 실시형태에서, AAV는 2개 이상의 모 혈청형으로부터 하이브리드 AAV로 조작될 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV는 AAV2 및 AAV9로부터의 서열을 포함하는 AAV2G9일 수 있다. AAV2G9 AAV 혈청형은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US20160017005호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0469] 일부 실시형태에서, AAV는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Pulicherla *et al.* (Molecular Therapy 19(6):1070-1078 (2011)]에 기술되어 있는 바와 같이 390번 내지 627번 아미노산(VP1 넘버링)에 돌연변이가 있는 AAV9 캡시드 라이브러리에 의해 생성된 혈청형일 수 있다. 혈청형 및 상응하는 뉴클레오타이드 및 아미노산 치환은 AAV9.1(G1594C; D532H), AAV6.2(T1418A 및 T1436X; V473D 및 I479K), AAV9.3(T1238A; F413Y), AAV9.4(T1250C 및 A1617T; F417S), AAV9.5(A1235G, A1314T, A1642G, C1760T; Q412R, T548A, A587V), AAV9.6(T1231A; F411I), AAV9.9(G1203A, G1785T; W595C), AAV9.10(A1500G, T1676C; M559T), AAV9.11(A1425T, A1702C, A1769T; T568P, Q590L), AAV9.13(A1369C, A1720T; N457H, T574S), AAV9.14(T1340A, T1362C, T1560C, G1713A; L447H), AAV9.16(A1775T; Q592L), AAV9.24(T1507C, T1521G; W503R), AAV9.26(A1337G, A1769C; Y446C, Q590P), AAV9.33(A1667C; D556A), AAV9.34(A1534G, C1794T; N512D), AAV9.35(A1289T, T1450A, C1494T, A1515T, C1794A, G1816A; Q430L, Y484N, N98K, V606I), AAV9.40(A1694T, E565V), AAV9.41(A1348T, T1362C; T450S), AAV9.44(A1684C, A1701T, A1737G; N562H, K567N), AAV9.45(A1492T, C1804T; N498Y, L602F), AAV9.46(G1441C, T1525C, T1549G; G481R, W509R, L517V), 9.47(G1241A, G1358A, A1669G, C1745T; S414N, G453D, K557E, T582I), AAV9.48(C1445T, A1736T; P482L, Q579L), AAV9.50(A1638T, C1683T, T1805A; Q546H, L602H), AAV9.53(G1301A, A1405C, C1664T, G1811T; R134Q, S469R, A555V, G604V), AAV9.54(C1531A, T1609A; L511I, L537M), AAV9.55(T1605A; F535L), AAV9.58(C1475T, C1579A; T492I, H527N), AAV.59(T1336C; Y446H), AAV9.61(A1493T; N498I), AAV9.64(C1531A, A1617T; L511I), AAV9.65(C1335T, T1530C, C1568A; A523D), AAV9.68(C1510A; P504T), AAV9.80(G1441A,;G481R), AAV9.83(C1402A, A1500T; P468T, E500D), AAV9.87(T1464C, T1468C; S490P), AAV9.90(A1196T; Y399F), AAV9.91(T1316G, A1583T, C1782G, T1806C; L439R, K528I), AAV9.93(A1273G, A1421G, A1638C, C1712T, G1732A, A1744T, A1832T; S425G, Q474R, Q546H, P571L, G578R, T582S, D611V), AAV9.94(A1675T; M559L) 및 AAV9.95(T1605A; F535L)일 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0470] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAVF1/HSC1(WO2016049230의 서열번호 2 및 20), AAVF2/HSC2(WO2016049230의 서열번호 3 및 21), AAVF3/HSC3(WO2016049230의 서열번호 5 및 22), AAVF4/HSC4(WO2016049230의 서열번호 6 및 23), AAVF5/HSC5(WO2016049230의 서열번호 11 및 25), AAVF6/HSC6(WO2016049230의 서열번호 7 및 24), AAVF7/HSC7(WO2016049230의 서열번호 8 및 27), AAVF8/HSC8(WO2016049230의 서열번호 9 및 28), AAVF9/HSC9(WO2016049230의 서열번호 10 및 29), AAVF11/HSC11(WO2016049230의 서열번호 4 및 26), AAVF12/HSC12(WO2016049230의 서열번호 12 및 30), AAVF13/HSC13(WO2016049230의 서열번호 14 및 31), AAVF14/HSC14(WO2016049230의 서열번호 15 및 32), AAVF15/HSC15(WO2016049230의 서열번호 16 및 33), AAVF16/HSC16(WO2016049230의 서열번호 17 및 34), AAVF17/HSC17(WO2016049230의 서열번호 13 및 35), 또는 이들의 변이체 또는 유도체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2016049230호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0471] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV CBr-E1(US8734809의 서열번호 13 및 87), AAV CBr-E2(US8734809의 서열번호 14 및 88), AAV CBr-E3(US8734809의 서열번호 15 및 89), AAV CBr-E4(US8734809의 서열번호 16 및 90), AAV CBr-E5(US8734809의 서열번호 17 및 91), AAV CBr-e5(US8734809의 서열번호 18 및 92), AAV CBr-E6(US8734809의 서열번호 19 및 93), AAV CBr-E7(US8734809의 서열번호 20 및 94), AAV CBr-E8(US8734809의 서열번호 21 및 95), AAV CLv-D1(US8734809의 서열번호 22 및 96), AAV CLv-D2(US8734809의 서열번호 23 및 97), AAV CLv-D3(US8734809의 서열번호 24 및 98), AAV CLv-D4(US8734809의 서열번호 25 및 99), AAV CLv-D5(US8734809의 서열번호 26 및 100), AAV CLv-D6(US8734809의 서열번호 27 및 101), AAV CLv-D7(US8734809의 서열번호 28 및 102), AAV CLv-D8(US8734809의 서열번호 29 및 103), AAV CLv-E1(US8734809의 서열번호 13 및 87), AAV CLv-R1(US8734809의 서열번호 30 및 104), AAV CLv-R2(US8734809의 서열번호 31 및 105), AAV CLv-R3(US8734809의 서열번호 32 및 106), AAV CLv-R4(US8734809의 서열번호 33 및 107), AAV CLv-R5(US8734809의 서열번호 34 및 108), AAV CLv-R6(US8734809의 서열번호 35 및 109), AAV CLv-R7(US8734809의 서열번호 36 및 110), AAV CLv-R8(US8734809의 서열번호 X 및 X), AAV CLv-R9(US8734809의 서열번호 X 및 X), AAV CLg-F1(US8734809의 서열번호 39 및 113), AAV CLg-F2(US8734809의 서열번호 40 및 114), AAV CLg-F3(US8734809의 서열번호 41 및 115), AAV CLg-F4(US8734809의 서열번호 42 및 116), AAV CLg-F5(US8734809의 서열번호 43 및 117), AAV CLg-F6(US8734809의 서열번호 43 및 117), AAV CLg-F7(US8734809의 서열번호 44 및 118), AAV CLg-F8(US8734809의 서열번호 43 및 117), AAV CSp-1(US8734809의 서열번호 45 및 119), AAV CSp-10(US8734809의 서열번호 46 및 120), AAV CSp-11(US8734809의 서열번호 47 및 121), AAV CSp-2(US8734809의 서열번호 48 및 122), AAV CSp-3(US8734809의 서열번호 49 및 123), AAV CSp-4(US8734809의 서열번호 50 및 124), AAV CSp-6(US8734809의 서열번호 51 및 125), AAV CSp-7(US8734809의 서열번호 52 및 126), AAV CSp-8(US8734809의 서열번호 53 및 127), AAV CSp-9(US8734809의 서열번호 54 및 128), AAV CHt-2(US8734809의 서열번호 55 및 129), AAV CHt-3(US8734809의 서열번호 56 및 130), AAV CKd-1(US8734809의 서열번호 57 및 131), AAV CKd-10(US8734809의 서열번호 58 및 132), AAV CKd-2(US8734809의 서열번호 59 및 133), AAV CKd-3(US8734809의 서열번호 60 및 134), AAV CKd-4(US8734809의 서열번호 61 및 135), AAV CKd-6(US8734809의 서열번호 62 및 136), AAV CKd-7(US8734809의 서열번호 63 및 137), AAV CKd-8(US8734809의 서열번호 64 및 138), AAV CLv-1(US8734809의 서열번호 35 및 139), AAV CLv-12(US8734809의 서열번호 66 및 140), AAV CLv-13(US8734809의 서열번호 67 및 141), AAV CLv-2(US8734809의 서열번호 68 및 142), AAV CLv-3(US8734809의 서열번호 69 및 143), AAV CLv-4(US8734809의 서열번호 70 및 144), AAV CLv-6(US8734809의 서열번호 71 및 145), AAV CLv-8(US8734809의 서열번호 72 및 146), AAV CKd-B1(US8734809의 서열번호 73 및 147), AAV CKd-B2(US8734809의 서열번호 74 및 148), AAV CKd-B3(US8734809의 서열번호 75 및 149), AAV CKd-B4(US8734809의 서열번호 76 및 150), AAV CKd-B5(US8734809의 서열번호 77 및 151), AAV CKd-B6(US8734809의 서열번호 78 및 152), AAV CKd-B7(US8734809의 서열번호 79 및 153), AAV CKd-B8(US8734809의 서열번호 80 및 154), AAV CKd-H1(US8734809의 서열번호 81 및 155), AAV CKd-H2(US8734809의 서열번호 82 및 156), AAV CKd-H3(US8734809의 서열번호 83 및 157), AAV CKd-H4(US8734809의 서열번호 84 및 158), AAV CKd-H5(US8734809의 서열번호 85 및 159), AAV CKd-H6(US8734809의 서열번호 77 및 151), AAV CHt-1(US8734809의 서열번호 86 및 160), AAV CLv1-1(US8734809의 서열번호 171), AAV CLv1-2(US8734809의 서열번호 172), AAV CLv1-3(US8734809의 서열번호 173), AAV CLv1-4(US8734809의 서열번호 174), AAV Clv1-7(US8734809의 서열번호 175), AAV Clv1-8(US8734809의 서열번호 176), AAV Clv1-9(US8734809의 서열번호 177), AAV Clv1-10(US8734809의 서열번호 178), AAV.VR-355(US8734809의 서열번호 181), AAV.hu.48R3(US8734809의 서열번호 183), 또는 이들의 변이체 또는 유도체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 8734809호에 기재되어 있는 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0472] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV CHt-P2(WO2016065001의 서열번호 1 및 51), AAV CHt-P5(WO2016065001의 서열번호 2 및 52), AAV CHt-P9(WO2016065001의 서열번호 3 및 53), AAV CBr-7.1(WO2016065001의 서열번호 4 및 54), AAV CBr-7.2(WO2016065001의 서열번호 5 및 55), AAV CBr-7.3(WO2016065001의 서열번호 6 및 56), AAV CBr-7.4(WO2016065001의 서열번호 7 및 57), AAV CBr-7.5(WO2016065001의 서열번호 8 및 58), AAV CBr-7.7(WO2016065001의 서열번호 9 및 59), AAV CBr-7.8(WO2016065001의 서열번호 10 및 60), AAV CBr-7.10(WO2016065001의 서열번호 11 및 61), AAV CKd-N3(WO2016065001의 서열번호 12 및 62), AAV CKd-N4(WO2016065001의 서열번호 13 및 63), AAV CKd-N9(WO2016065001의 서열번호 14 및 64), AAV CLv-L4(WO2016065001의 서열번호 15 및 65), AAV CLv-L5(WO2016065001의 서열번호 16 및 66), AAV CLv-L6(WO2016065001의 서열번호 17 및 67), AAV CLv-K1(WO2016065001의 서열번호 18 및 68), AAV CLv-K3(WO2016065001의 서열번호 19 및 69), AAV CLv-K6(WO2016065001의 서열번호 20 및 70), AAV CLv-

M1(WO2016065001의 서열번호 21 및 71), AAV CLv-M11(WO2016065001의 서열번호 22 및 72), AAV CLv-M2(WO2016065001의 서열번호 23 및 73), AAV CLv-M5(WO2016065001의 서열번호 24 및 74), AAV CLv-M6(WO2016065001의 서열번호 25 및 75), AAV CLv-M7(WO2016065001의 서열번호 26 및 76), AAV CLv-M8(WO2016065001의 서열번호 27 및 77), AAV CLv-M9(WO2016065001의 서열번호 28 및 78), AAV CHt-P1(WO2016065001의 서열번호 29 및 79), AAV CHt-P6(WO2016065001의 서열번호 30 및 80), AAV CHt-P8(WO2016065001의 서열번호 31 및 81), AAV CHt-6.1(WO2016065001의 서열번호 32 및 82), AAV CHt-6.10(WO2016065001의 서열번호 33 및 83), AAV CHt-6.5(WO2016065001의 서열번호 34 및 84), AAV CHt-6.6(WO2016065001의 서열번호 35 및 85), AAV CHt-6.7(WO2016065001의 서열번호 36 및 86), AAV CHt-6.8(WO2016065001의 서열번호 37 및 87), AAV CSp-8.10(WO2016065001의 서열번호 38 및 88), AAV CSp-8.2(WO2016065001의 서열번호 39 및 89), AAV CSp-8.4(WO2016065001의 서열번호 40 및 90), AAV CSp-8.5(WO2016065001의 서열번호 41 및 91), AAV CSp-8.6(WO2016065001의 서열번호 42 및 92), AAV CSp-8.7(WO2016065001의 서열번호 43 및 93), AAV CSp-8.8(WO2016065001의 서열번호 44 및 94), AAV CSp-8.9(WO2016065001의 서열번호 45 및 95), AAV CBr-B7.3(WO2016065001의 서열번호 46 및 96), AAV CBr-B7.4(WO2016065001의 서열번호 47 및 97), AAV3B(WO2016065001의 서열번호 48 및 98), AAV4(WO2016065001의 서열번호 49 및 99), AAV5(WO2016065001의 서열번호 50 및 100), 또는 이들의 변이체 또는 유도체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2016065001호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0473] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 표 1에서 발견되는 임의의 것들로부터 선택되는 혈청형일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다.

[0474] 일부 실시형태에서, AAV 캡시드는 표 1의 임의의 서열의 서열, 이의 단편 또는 변이체를 포함할 수 있다.

[0475] 일부 실시형태에서, AAV 캡시드는 표 1에 기재된 바와 같은 서열, 단편 또는 변이체에 의해 암호화될 수 있다.

[0476] 본 명세서에서 참조되고/되거나 기재된 임의의 DNA 및 RNA 서열에서, 단일 문자 기호는 다음과 같이 설명된다: 아데닌의 경우 A; 사이토신의 경우 C; 구아닌의 경우 G; 티민의 경우 T; 우라실의 경우 U; 아데닌 또는 티민과 같은 약한 염기의 경우 W; 사이토신 및 구아닌과 같은 강한 뉴클레오타이드의 경우 S; 아데닌 및 사이토신과 같은 아미노 뉴클레오타이드의 경우 M; 구아닌 및 티민과 같은 케토 뉴클레오타이드의 경우 K; 퓨린 아데닌 및 구아닌의 경우 R; 피리미딘 사이토신 및 티민의 경우 Y; A(예를 들어, 사이토신, 구아닌 및 티민)가 아닌 임의의 염기의 경우 B; C(예를 들어, 아데닌, 구아닌 및 티민)가 아닌 임의의 염기의 경우 D; G(예를 들어, 아데닌, 사이토신 및 티민)가 아닌 임의의 염기의 경우 H; T(예를 들어, 아데닌, 사이토신 및 구아닌)가 아닌 임의의 염기의 경우 V; 임의의 뉴클레오타이드(갭이 아님)의 경우 N; Z는 0.

[0477] 본 명세서에서 참조되고/되거나 기재된 임의의 아미노산 서열에서, 단일 문자 기호는 다음과 같이 설명된다: 글리신의 경우 G(Gly); 알라닌의 경우 A(Ala); 류신의 경우 L(Leu); 메티오닌의 경우 M(Met); 페닐알라닌의 경우 F(Phe); 트립토판의 경우 W(Trp); 라이신의 경우 K(Lys); 글루타민의 경우 Q(Gln); 글루탐산의 경우 E(Glu); 세린의 경우 S(Ser); 프롤린의 경우 P(Pro); 발린의 경우 V(Val); 아이소류신의 경우 I(Ile); 시스테인의 경우 C(Cys); 타이로신의 경우 Y(Tyr); 히스티딘의 경우 H(His); 아르기닌의 경우 R(Arg); 아스파라긴의 경우 N(Asn); 아스파르트산의 경우 D(Asp); 트레오닌의 경우 T(Thr); 아스파르트산 또는 아스파라긴의 경우 B(Asx); 류신 또는 아이소류신의 경우 J(Xle); 피롤리신의 경우 O(Pyl); 셀레노시스테인의 경우 U(Sec); 임의의 아미노산의 경우 X(Xaa); 및 글루타민 또는 글루탐산의 경우 Z(Glx).

표 1

AAV 혈청형

혈청형	서열번호	참조 정보
VOY101	1	-
VOY101	2	-
VOY201	3	-
PHP.N/PHP.B-DGT	4	WO2017100671 서열번호 46
AAVPHP.B 또는 G2B-26	5	WO2015038958 서열번호 8 및 13
AAVPHP.B	6	WO2015038958 서열번호 9
AAVG2B-13	7	WO2015038958 서열번호 12
AAVTH1.1-32	8	WO2015038958 서열번호 14
AAVTH1.1-35	9	WO2015038958 서열번호 15
PHP.S/G2A12	10	WO2017100671 서열번호 47
AAV9/hu.14 K449R	11	WO2017100671 서열번호 45
AAV1	12	US20150159173 서열번호 11, US20150315612 서열번호 202
AAV1	13	US20160017295 서열번호 1, US20030138772 서열번호 64, US20150159173 서열번호 27, US20150315612 서열번호 219, US7198951 서열번호 5
AAV1	14	US20030138772 서열번호 6
AAV1.3	15	US20030138772 서열번호 14
AAV10	16	US20030138772 서열번호 117
AAV10	17	WO2015121501 서열번호 9
AAV10	18	WO2015121501 서열번호 8
AAV11	19	US20030138772 서열번호 118
AAV12	20	US20030138772 서열번호 119
AAV2	21	US20150159173 서열번호 7, US20150315612 서열번호 211
AAV2	22	US20030138772 서열번호 70, US20150159173 서열번호 23, US20150315612 서열번호 221, US20160017295 서열번호 2, US6156303 서열번호 4, US7198951 서열번호

[0478]

		4, WO2015121501 서열번호 1
AAV2	23	US6156303 서열번호 8
AAV2	24	US20030138772 서열번호 7
AAV2	25	US6156303 서열번호 3
AAV2.5T	26	US9233131 서열번호 42
AAV223.10	27	US20030138772 서열번호 75
AAV223.2	28	US20030138772 서열번호 49
AAV223.2	29	US20030138772 서열번호 76
AAV223.4	30	US20030138772 서열번호 50
AAV223.4	31	US20030138772 서열번호 73
AAV223.5	32	US20030138772 서열번호 51
AAV223.5	33	US20030138772 서열번호 74
AAV223.6	34	US20030138772 서열번호 52
AAV223.6	35	US20030138772 서열번호 78
AAV223.7	36	US20030138772 서열번호 53
AAV223.7	37	US20030138772 서열번호 77
AAV29.3	38	US20030138772 서열번호 82
AAV29.4	39	US20030138772 서열번호 12
AAV29.5	40	US20030138772 서열번호 83
AAV29.5(AAVbb.2)	41	US20030138772 서열번호 13
AAV3	42	US20150159173 서열번호 12
AAV3	43	US20030138772 서열번호 71, US20150159173 서열번호 28, US20160017295 서열번호 3, US7198951 서열번호 6
AAV3	44	US20030138772 서열번호 8
AAV3.3b	45	US20030138772 서열번호 72
AAV3-3	46	US20150315612 서열번호 200
AAV3-3	47	US20150315612 서열번호 217
AAV3a	48	US6156303 서열번호 5
AAV3a	49	US6156303 서열번호 9
AAV3b	50	US6156303 서열번호 6
AAV3b	51	US6156303 서열번호 10
AAV3b	52	US6156303 서열번호 1
AAV4	53	US20140348794 서열번호 17
AAV4	54	US20140348794 서열번호 5
AAV4	55	US20140348794 서열번호 3
AAV4	56	US20140348794 서열번호 14
AAV4	57	US20140348794 서열번호 15
AAV4	58	US20140348794 서열번호 19
AAV4	59	US20140348794 서열번호 12
AAV4	60	US20140348794 서열번호 13
AAV4	61	US20140348794 서열번호 7
AAV4	62	US20140348794 서열번호 8
AAV4	63	US20140348794 서열번호 9
AAV4	64	US20140348794 서열번호 2

[0479]

AAV4	65	US20140348794 서열번호 10
AAV4	66	US20140348794 서열번호 11
AAV4	67	US20140348794 서열번호 18
AAV4	68	US20030138772 서열번호 63, US20160017295 서열번호 4, US20140348794 서열번호 4
AAV4	69	US20140348794 서열번호 16
AAV4	70	US20140348794 서열번호 20
AAV4	71	US20140348794 서열번호 6
AAV4	72	US20140348794 서열번호 1
AAV42.2	73	US20030138772 서열번호 9
AAV42.2	74	US20030138772 서열번호 102
AAV42.3b	75	US20030138772 서열번호 36
AAV42.3B	76	US20030138772 서열번호 107
AAV42.4	77	US20030138772 서열번호 33
AAV42.4	78	US20030138772 서열번호 88
AAV42.8	79	US20030138772 서열번호 27
AAV42.8	80	US20030138772 서열번호 85
AAV43.1	81	US20030138772 서열번호 39
AAV43.1	82	US20030138772 서열번호 92
AAV43.12	83	US20030138772 서열번호 41
AAV43.12	84	US20030138772 서열번호 93
AAV43.20	85	US20030138772 서열번호 42
AAV43.20	86	US20030138772 서열번호 99
AAV43.21	87	US20030138772 서열번호 43
AAV43.21	88	US20030138772 서열번호 96
AAV43.23	89	US20030138772 서열번호 44
AAV43.23	90	US20030138772 서열번호 98
AAV43.25	91	US20030138772 서열번호 45
AAV43.25	92	US20030138772 서열번호 97
AAV43.5	93	US20030138772 서열번호 40
AAV43.5	94	US20030138772 서열번호 94
AAV4-4	95	US20150315612 서열번호 201
AAV4-4	96	US20150315612 서열번호 218
AAV44.1	97	US20030138772 서열번호 46
AAV44.1	98	US20030138772 서열번호 79
AAV44.5	99	US20030138772 서열번호 47
AAV44.5	100	US20030138772 서열번호 80
AAV4407	101	US20150315612 서열번호 90
AAV5	102	US7427396 서열번호 1
AAV5	103	US20030138772 서열번호 114
AAV5	104	US20160017295 서열번호 5, US7427396 서열번호 2, US20150315612 서열번호 216
AAV5	105	US20150315612 서열번호 199
AAV6	106	US20150159173 서열번호 13

[0480]

AAV6	107	US20030138772 서열번호 65, US20150159173 서열번호 29, US20160017295 서열번호 6, US6156303 서열번호 7
AAV6	108	US6156303 서열번호 11
AAV6	109	US6156303 서열번호 2
AAV6	110	US20150315612 서열번호 203
AAV6	111	US20150315612 서열번호 220
AAV6.1	112	US20150159173
AAV6.12	113	US20150159173
AAV6.2	114	US20150159173
AAV7	115	US20150159173 서열번호 14
AAV7	116	US20150315612 서열번호 183
AAV7	117	US20030138772 서열번호 2, US20150159173 서열번호 30, US20150315612 서열번호 181, US20160017295 서열번호 7
AAV7	118	US20030138772 서열번호 3
AAV7	119	US20030138772 서열번호 1, US20150315612 서열번호 180
AAV7	120	US20150315612 서열번호 213
AAV7	121	US20150315612 서열번호 222
AAV8	122	US20150159173 서열번호 15
AAV8	123	US20150376240 서열번호 7
AAV8	124	US20030138772 서열번호 4, US20150315612 서열번호 182
AAV8	125	US20030138772 서열번호 95, US20140359799 서열번호 1, US20150159173 서열번호 31, US20160017295 서열번호 8, US7198951 서열번호 7, US20150315612 서열번호 223
AAV8	126	US20150376240 서열번호 8
AAV8	127	US20150315612 서열번호 214
AAV-8b	128	US20150376240 서열번호 5
AAV-8b	129	US20150376240 서열번호 3
AAV-8h	130	US20150376240 서열번호 6
AAV-8h	131	US20150376240 서열번호 4
AAV9	132	US20030138772 서열번호 5
AAV9	133	US7198951 서열번호 1
AAV9	134	US20160017295 서열번호 9
AAV9	135	US20030138772 서열번호 100, US7198951 서열번호 2
AAV9	136	US7198951 서열번호 3
AAV9(AAVhu.14)	137	US7906111 서열번호 3; WO2015038958 서열번호 11
AAV9(AAVhu.14)	138	US7906111 서열번호 123; WO2015038958 서열번호 2
AAVA3.1	139	US20030138772 서열번호 120
AAVA3.3	140	US20030138772 서열번호 57
AAVA3.3	141	US20030138772 서열번호 66
AAVA3.4	142	US20030138772 서열번호 54
AAVA3.4	143	US20030138772 서열번호 68
AAVA3.5	144	US20030138772 서열번호 55
AAVA3.5	145	US20030138772 서열번호 69

[0481]

AAVA3.7	146	US20030138772 서열번호 56
AAVA3.7	147	US20030138772 서열번호 67
AAV29.3(AAVbb.1)	148	US20030138772 서열번호 11
AAVC2	149	US20030138772 서열번호 61
AAVCh.5	150	US20150159173 서열번호 46, US20150315612 서열번호 234
AAVcy.2(AAV13.3)	151	US20030138772 서열번호 15
AAV24.1	152	US20030138772 서열번호 101
AAVcy.3(AAV24.1)	153	US20030138772 서열번호 16
AAV27.3	154	US20030138772 서열번호 104
AAVcy.4(AAV27.3)	155	US20030138772 서열번호 17
AAVcy.5	156	US20150315612 서열번호 227
AAV7.2	157	US20030138772 서열번호 103
AAVcy.5(AAV7.2)	158	US20030138772 서열번호 18
AAV16.3	159	US20030138772 서열번호 105
AAVcy.6(AAV16.3)	160	US20030138772 서열번호 10
AAVcy.5	161	US20150159173 서열번호 8
AAVcy.5	162	US20150159173 서열번호 24
AAVCy.5R1	163	US20150159173
AAVCy.5R2	164	US20150159173
AAVCy.5R3	165	US20150159173
AAVCy.5R4	166	US20150159173
AAVDJ	167	US20140359799 서열번호 3, US7588772 서열번호 2
AAVDJ	168	US20140359799 서열번호 2, US7588772 서열번호 1
AAVDJ-8	169	US7588772; Grimm et al 2008
AAVDJ-8	170	US7588772; Grimm et al 2008
AAVF5	171	US20030138772 서열번호 110
AAVH2	172	US20030138772 서열번호 26
AAVH6	173	US20030138772 서열번호 25
AAVhE1.1	174	US9233131 서열번호 44
AAVhEr1.14	175	US9233131 서열번호 46
AAVhEr1.16	176	US9233131 서열번호 48
AAVhEr1.18	177	US9233131 서열번호 49
AAVhEr1.23(AAVhEr2.29)	178	US9233131 서열번호 53
AAVhEr1.35	179	US9233131 서열번호 50
AAVhEr1.36	180	US9233131 서열번호 52
AAVhEr1.5	181	US9233131 서열번호 45
AAVhEr1.7	182	US9233131 서열번호 51
AAVhEr1.8	183	US9233131 서열번호 47
AAVhEr2.16	184	US9233131 서열번호 55
AAVhEr2.30	185	US9233131 서열번호 56
AAVhEr2.31	186	US9233131 서열번호 58
AAVhEr2.36	187	US9233131 서열번호 57
AAVhEr2.4	188	US9233131 서열번호 54

[0482]

AAVhEr3.1	189	US9233131 서열번호 59
AAVhu.1	190	US20150315612 서열번호 46
AAVhu.1	191	US20150315612 서열번호 144
AAVhu.10(AAV16.8)	192	US20150315612 서열번호 56
AAVhu.10(AAV16.8)	193	US20150315612 서열번호 156
AAVhu.11(AAV16.12)	194	US20150315612 서열번호 57
AAVhu.11(AAV16.12)	195	US20150315612 서열번호 153
AAVhu.12	196	US20150315612 서열번호 59
AAVhu.12	197	US20150315612 서열번호 154
AAVhu.13	198	US20150159173 서열번호 16, US20150315612 서열번호 71
AAVhu.13	199	US20150159173 서열번호 32, US20150315612 서열번호 129
AAVhu.136.1	200	US20150315612 서열번호 165
AAVhu.140.1	201	US20150315612 서열번호 166
AAVhu.140.2	202	US20150315612 서열번호 167
AAVhu.145.6	203	US20150315612 서열번호 178
AAVhu.15	204	US20150315612 서열번호 147
AAVhu.15(AAV33.4)	205	US20150315612 서열번호 50
AAVhu.156.1	206	US20150315612 서열번호 179
AAVhu.16	207	US20150315612 서열번호 148
AAVhu.16(AAV33.8)	208	US20150315612 서열번호 51
AAVhu.17	209	US20150315612 서열번호 83
AAVhu.17(AAV33.12)	210	US20150315612 서열번호 4
AAVhu.172.1	211	US20150315612 서열번호 171
AAVhu.172.2	212	US20150315612 서열번호 172
AAVhu.173.4	213	US20150315612 서열번호 173
AAVhu.173.8	214	US20150315612 서열번호 175
AAVhu.18	215	US20150315612 서열번호 52
AAVhu.18	216	US20150315612 서열번호 149
AAVhu.19	217	US20150315612 서열번호 62
AAVhu.19	218	US20150315612 서열번호 133
AAVhu.2	219	US20150315612 서열번호 48
AAVhu.2	220	US20150315612 서열번호 143
AAVhu.20	221	US20150315612 서열번호 63
AAVhu.20	222	US20150315612 서열번호 134
AAVhu.21	223	US20150315612 서열번호 65
AAVhu.21	224	US20150315612 서열번호 135
AAVhu.22	225	US20150315612 서열번호 67
AAVhu.22	226	US20150315612 서열번호 138
AAVhu.23	227	US20150315612 서열번호 60
AAVhu.23.2	228	US20150315612 서열번호 137
AAVhu.24	229	US20150315612 서열번호 66
AAVhu.24	230	US20150315612 서열번호 136

[0483]

AAVhu.25	231	US20150315612 서열번호 49
AAVhu.25	232	US20150315612 서열번호 146
AAVhu.26	233	US20150159173 서열번호 17, US20150315612 서열번호 61
AAVhu.26	234	US20150159173 서열번호 33, US20150315612 서열번호 139
AAVhu.27	235	US20150315612 서열번호 64
AAVhu.27	236	US20150315612 서열번호 140
AAVhu.28	237	US20150315612 서열번호 68
AAVhu.28	238	US20150315612 서열번호 130
AAVhu.29	239	US20150315612 서열번호 69
AAVhu.29	240	US20150159173 서열번호 42, US20150315612 서열번호 132
AAVhu.29	241	US20150315612 서열번호 225
AAVhu.29R	242	US20150159173
AAVhu.3	243	US20150315612 서열번호 44
AAVhu.3	244	US20150315612 서열번호 145
AAVhu.30	245	US20150315612 서열번호 70
AAVhu.30	246	US20150315612 서열번호 131
AAVhu.31	247	US20150315612 서열번호 1
AAVhu.31	248	US20150315612 서열번호 121
AAVhu.32	249	US20150315612 서열번호 2
AAVhu.32	250	US20150315612 서열번호 122
AAVhu.33	251	US20150315612 서열번호 75
AAVhu.33	252	US20150315612 서열번호 124
AAVhu.34	253	US20150315612 서열번호 72
AAVhu.34	254	US20150315612 서열번호 125
AAVhu.35	255	US20150315612 서열번호 73
AAVhu.35	256	US20150315612 서열번호 164
AAVhu.36	257	US20150315612 서열번호 74
AAVhu.36	258	US20150315612 서열번호 126
AAVhu.37	259	US20150159173 서열번호 34, US20150315612 서열번호 88
AAVhu.37(AAV106.1)	260	US20150315612 서열번호 10, US20150159173 서열번호 18
AAVhu.38	261	US20150315612 서열번호 161
AAVhu.39	262	US20150315612 서열번호 102
AAVhu.39(AAVLG-9)	263	US20150315612 서열번호 24
AAVhu.4	264	US20150315612 서열번호 47
AAVhu.4	265	US20150315612 서열번호 141
AAVhu.40	266	US20150315612 서열번호 87
AAVhu.40(AAV114.3)	267	US20150315612 서열번호 11
AAVhu.41	268	US20150315612 서열번호 91
AAVhu.41(AAV127.2)	269	US20150315612 서열번호 6
AAVhu.42	270	US20150315612 서열번호 85
AAVhu.42(AAV127.5)	271	US20150315612 서열번호 8

[0484]

AAVhu.43	272	US20150315612 서열번호 160
AAVhu.43	273	US20150315612 서열번호 236
AAVhu.43(AAV128.1)	274	US20150315612 서열번호 80
AAVhu.44	275	US20150159173 서열번호 45, US20150315612 서열번호 158
AAVhu.44(AAV128.3)	276	US20150315612 서열번호 81
AAVhu.44R1	277	US20150159173
AAVhu.44R2	278	US20150159173
AAVhu.44R3	279	US20150159173
AAVhu.45	280	US20150315612 서열번호 76
AAVhu.45	281	US20150315612 서열번호 127
AAVhu.46	282	US20150315612 서열번호 82
AAVhu.46	283	US20150315612 서열번호 159
AAVhu.46	284	US20150315612 서열번호 224
AAVhu.47	285	US20150315612 서열번호 77
AAVhu.47	286	US20150315612 서열번호 128
AAVhu.48	287	US20150159173 서열번호 38
AAVhu.48	288	US20150315612 서열번호 157
AAVhu.48(AAV130.4)	289	US20150315612 서열번호 78
AAVhu.48R1	290	US20150159173
AAVhu.48R2	291	US20150159173
AAVhu.48R3	292	US20150159173
AAVhu.49	293	US20150315612 서열번호 209
AAVhu.49	294	US20150315612 서열번호 189
AAVhu.5	295	US20150315612 서열번호 45
AAVhu.5	296	US20150315612 서열번호 142
AAVhu.51	297	US20150315612 서열번호 208
AAVhu.51	298	US20150315612 서열번호 190
AAVhu.52	299	US20150315612 서열번호 210
AAVhu.52	300	US20150315612 서열번호 191
AAVhu.53	301	US20150159173 서열번호 19
AAVhu.53	302	US20150159173 서열번호 35
AAVhu.53(AAV145.1)	303	US20150315612 서열번호 176
AAVhu.54	304	US20150315612 서열번호 188
AAVhu.54(AAV145.5)	305	US20150315612 서열번호 177
AAVhu.55	306	US20150315612 서열번호 187
AAVhu.56	307	US20150315612 서열번호 205
AAVhu.56(AAV145.6)	308	US20150315612 서열번호 168
AAVhu.56(AAV145.6)	309	US20150315612 서열번호 192
AAVhu.57	310	US20150315612 서열번호 206
AAVhu.57	311	US20150315612 서열번호 169
AAVhu.57	312	US20150315612 서열번호 193
AAVhu.58	313	US20150315612 서열번호 207
AAVhu.58	314	US20150315612 서열번호 194

[0485]

[0486]

AAVhu.6(AAV3.1)	315	US20150315612 서열번호 5
AAVhu.6(AAV3.1)	316	US20150315612 서열번호 84
AAVhu.60	317	US20150315612 서열번호 184
AAVhu.60(AAV161.10)	318	US20150315612 서열번호 170
AAVhu.61	319	US20150315612 서열번호 185
AAVhu.61(AAV161.6)	320	US20150315612 서열번호 174
AAVhu.63	321	US20150315612 서열번호 204
AAVhu.63	322	US20150315612 서열번호 195
AAVhu.64	323	US20150315612 서열번호 212
AAVhu.64	324	US20150315612 서열번호 196
AAVhu.66	325	US20150315612 서열번호 197
AAVhu.67	326	US20150315612 서열번호 215
AAVhu.67	327	US20150315612 서열번호 198
AAVhu.7	328	US20150315612 서열번호 226
AAVhu.7	329	US20150315612 서열번호 150
AAVhu.7(AAV7.3)	330	US20150315612 서열번호 55
AAVhu.71	331	US20150315612 서열번호 79
AAVhu.8	332	US20150315612 서열번호 53
AAVhu.8	333	US20150315612 서열번호 12
AAVhu.8	334	US20150315612 서열번호 151
AAVhu.9(AAV3.1)	335	US20150315612 서열번호 58
AAVhu.9(AAV3.1)	336	US20150315612 서열번호 155
AAV-LK01	337	US20150376607 서열번호 2
AAV-LK01	338	US20150376607 서열번호 29
AAV-LK02	339	US20150376607 서열번호 3
AAV-LK02	340	US20150376607 서열번호 30
AAV-LK03	341	US20150376607 서열번호 4
AAV-LK03	342	WO2015121501 서열번호 12, US20150376607 서열번호 31
AAV-LK04	343	US20150376607 서열번호 5
AAV-LK04	344	US20150376607 서열번호 32
AAV-LK05	345	US20150376607 서열번호 6
AAV-LK05	346	US20150376607 서열번호 33
AAV-LK06	347	US20150376607 서열번호 7
AAV-LK06	348	US20150376607 서열번호 34
AAV-LK07	349	US20150376607 서열번호 8
AAV-LK07	350	US20150376607 서열번호 35
AAV-LK08	351	US20150376607 서열번호 9
AAV-LK08	352	US20150376607 서열번호 36
AAV-LK09	353	US20150376607 서열번호 10
AAV-LK09	354	US20150376607 서열번호 37
AAV-LK10	355	US20150376607 서열번호 11
AAV-LK10	356	US20150376607 서열번호 38
AAV-LK11	357	US20150376607 서열번호 12

AAV-LK11	358	US20150376607 서열번호 39
AAV-LK12	359	US20150376607 서열번호 13
AAV-LK12	360	US20150376607 서열번호 40
AAV-LK13	361	US20150376607 서열번호 14
AAV-LK13	362	US20150376607 서열번호 41
AAV-LK14	363	US20150376607 서열번호 15
AAV-LK14	364	US20150376607 서열번호 42
AAV-LK15	365	US20150376607 서열번호 16
AAV-LK15	366	US20150376607 서열번호 43
AAV-LK16	367	US20150376607 서열번호 17
AAV-LK16	368	US20150376607 서열번호 44
AAV-LK17	369	US20150376607 서열번호 18
AAV-LK17	370	US20150376607 서열번호 45
AAV-LK18	371	US20150376607 서열번호 19
AAV-LK18	372	US20150376607 서열번호 46
AAV-LK19	373	US20150376607 서열번호 20
AAV-LK19	374	US20150376607 서열번호 47
AAV-PAEC	375	US20150376607 서열번호 1
AAV-PAEC	376	US20150376607 서열번호 48
AAV-PAEC11	377	US20150376607 서열번호 26
AAV-PAEC11	378	US20150376607 서열번호 54
AAV-PAEC12	379	US20150376607 서열번호 27
AAV-PAEC12	380	US20150376607 서열번호 51
AAV-PAEC13	381	US20150376607 서열번호 28
AAV-PAEC13	382	US20150376607 서열번호 49
AAV-PAEC2	383	US20150376607 서열번호 21
AAV-PAEC2	384	US20150376607 서열번호 56
AAV-PAEC4	385	US20150376607 서열번호 22
AAV-PAEC4	386	US20150376607 서열번호 55
AAV-PAEC6	387	US20150376607 서열번호 23
AAV-PAEC6	388	US20150376607 서열번호 52
AAV-PAEC7	389	US20150376607 서열번호 24
AAV-PAEC7	390	US20150376607 서열번호 53
AAV-PAEC8	391	US20150376607 서열번호 25
AAV-PAEC8	392	US20150376607 서열번호 50
AAVpi.1	393	US20150315612 서열번호 28
AAVpi.1	394	US20150315612 서열번호 93
AAVpi.2	395	US20150315612 서열번호 30
AAVpi.2	396	US20150315612 서열번호 95
AAVpi.3	397	US20150315612 서열번호 29
AAVpi.3	398	US20150315612 서열번호 94
AAVrh.10	399	US20150159173 서열번호 9
AAVrh.10	400	US20150159173 서열번호 25
AAV44.2	401	US20030138772 서열번호 59

[0487]

[0488]

AAVrh.10(AAV44.2)	402	US20030138772 서열번호 81
AAV42.1B	403	US20030138772 서열번호 90
AAVrh.12(AAV42.1b)	404	US20030138772 서열번호 30
AAVrh.13	405	US20150159173 서열번호 10
AAVrh.13	406	US20150159173 서열번호 26
AAVrh.13	407	US20150315612 서열번호 228
AAVrh.13R	408	US20150159173
AAV42.3A	409	US20030138772 서열번호 87
AAVrh.14(AAV42.3a)	410	US20030138772 서열번호 32
AAV42.5A	411	US20030138772 서열번호 89
AAVrh.17(AAV42.5a)	412	US20030138772 서열번호 34
AAV42.5B	413	US20030138772 서열번호 91
AAVrh.18(AAV42.5b)	414	US20030138772 서열번호 29
AAV42.6B	415	US20030138772 서열번호 112
AAVrh.19(AAV42.6b)	416	US20030138772 서열번호 38
AAVrh.2	417	US20150159173 서열번호 39
AAVrh.2	418	US20150315612 서열번호 231
AAVrh.20	419	US20150159173 서열번호 1
AAV42.10	420	US20030138772 서열번호 106
AAVrh.21(AAV42.10)	421	US20030138772 서열번호 35
AAV42.11	422	US20030138772 서열번호 108
AAVrh.22(AAV42.11)	423	US20030138772 서열번호 37
AAV42.12	424	US20030138772 서열번호 113
AAVrh.23(AAV42.12)	425	US20030138772 서열번호 58
AAV42.13	426	US20030138772 서열번호 86
AAVrh.24(AAV42.13)	427	US20030138772 서열번호 31
AAV42.15	428	US20030138772 서열번호 84
AAVrh.25(AAV42.15)	429	US20030138772 서열번호 28
AAVrh.2R	430	US20150159173
AAVrh.31(AAV223.1)	431	US20030138772 서열번호 48
AAVC1	432	US20030138772 서열번호 60
AAVrh.32(AAVC1)	433	US20030138772 서열번호 19
AAVrh.32/33	434	US20150159173 서열번호 2
AAVrh.33(AAVC3)	435	US20030138772 서열번호 20
AAVC5	436	US20030138772 서열번호 62
AAVrh.34(AAVC5)	437	US20030138772 서열번호 21
AAVF1	438	US20030138772 서열번호 109
AAVrh.35(AAVF1)	439	US20030138772 서열번호 22
AAVF3	440	US20030138772 서열번호 111
AAVrh.36(AAVF3)	441	US20030138772 서열번호 23
AAVrh.37	442	US20030138772 서열번호 24
AAVrh.37	443	US20150159173 서열번호 40
AAVrh.37	444	US20150315612 서열번호 229
AAVrh.37R2	445	US20150159173

AAVrh.38(AAVLG-4)	446	US20150315612 서열번호 7
AAVrh.38(AAVLG-4)	447	US20150315612 서열번호 86
AAVrh.39	448	US20150159173 서열번호 20, US20150315612 서열번호 13
AAVrh.39	449	US20150159173 서열번호 3, US20150159173 서열번호 36, US20150315612 서열번호 89
AAVrh.40	450	US20150315612 서열번호 92
AAVrh.40(AAVLG-10)	451	US20150315612 서열번호 14
AAVrh.43(AAVN721-8)	452	US20150315612 서열번호 43, US20150159173 서열번호 21
AAVrh.43(AAVN721-8)	453	US20150315612 서열번호 163, US20150159173 서열번호 37
AAVrh.44	454	US20150315612 서열번호 34
AAVrh.44	455	US20150315612 서열번호 111
AAVrh.45	456	US20150315612 서열번호 41
AAVrh.45	457	US20150315612 서열번호 109
AAVrh.46	458	US20150159173 서열번호 22, US20150315612 서열번호 19
AAVrh.46	459	US20150159173 서열번호 4, US20150315612 서열번호 101
AAVrh.47	460	US20150315612 서열번호 38
AAVrh.47	461	US20150315612 서열번호 118
AAVrh.48	462	US20150159173 서열번호 44, US20150315612 서열번호 115
AAVrh.48.1	463	US20150159173
AAVrh.48.1.2	464	US20150159173
AAVrh.48.2	465	US20150159173
AAVrh.48(AAV1-7)	466	US20150315612 서열번호 32
AAVrh.49(AAV1-8)	467	US20150315612 서열번호 25
AAVrh.49(AAV1-8)	468	US20150315612 서열번호 103
AAVrh.50(AAV2-4)	469	US20150315612 서열번호 23
AAVrh.50(AAV2-4)	470	US20150315612 서열번호 108
AAVrh.51(AAV2-5)	471	US20150315612 서열번호 22
AAVrh.51(AAV2-5)	472	US20150315612 서열번호 104
AAVrh.52(AAV3-9)	473	US20150315612 서열번호 18
AAVrh.52(AAV3-9)	474	US20150315612 서열번호 96
AAVrh.53	475	US20150315612 서열번호 97
AAVrh.53(AAV3-11)	476	US20150315612 서열번호 17
AAVrh.53(AAV3-11)	477	US20150315612 서열번호 186
AAVrh.54	478	US20150315612 서열번호 40
AAVrh.54	479	US20150159173 서열번호 49, US20150315612 서열번호 116
AAVrh.55	480	US20150315612 서열번호 37
AAVrh.55(AAV4-19)	481	US20150315612 서열번호 117
AAVrh.56	482	US20150315612 서열번호 54
AAVrh.56	483	US20150315612 서열번호 152
AAVrh.57	484	US20150315612 서열번호 26

[0489]

AAVrh.57	485	US20150315612 서열번호 105
AAVrh.58	486	US20150315612 서열번호 27
AAVrh.58	487	US20150159173 서열번호 48, US20150315612 서열번호 106
AAVrh.58	488	US20150315612 서열번호 232
AAVrh.59	489	US20150315612 서열번호 42
AAVrh.59	490	US20150315612 서열번호 110
AAVrh.60	491	US20150315612 서열번호 31
AAVrh.60	492	US20150315612 서열번호 120
AAVrh.61	493	US20150315612 서열번호 107
AAVrh.61(AAV2-3)	494	US20150315612 서열번호 21
AAVrh.62(AAV2-15)	495	US20150315612 서열번호 33
AAVrh.62(AAV2-15)	496	US20150315612 서열번호 114
AAVrh.64	497	US20150315612 서열번호 15
AAVrh.64	498	US20150159173 서열번호 43, US20150315612 서열번호 99
AAVrh.64	499	US20150315612 서열번호 233
AAVRh.64R1	500	US20150159173
AAVRh.64R2	501	US20150159173
AAVrh.65	502	US20150315612 서열번호 35
AAVrh.65	503	US20150315612 서열번호 112
AAVrh.67	504	US20150315612 서열번호 36
AAVrh.67	505	US20150315612 서열번호 230
AAVrh.67	506	US20150159173 서열번호 47, US20150315612 서열번호 113
AAVrh.68	507	US20150315612 서열번호 16
AAVrh.68	508	US20150315612 서열번호 100
AAVrh.69	509	US20150315612 서열번호 39
AAVrh.69	510	US20150315612 서열번호 119
AAVrh.70	511	US20150315612 서열번호 20
AAVrh.70	512	US20150315612 서열번호 98
AAVrh.71	513	US20150315612 서열번호 162
AAVrh.72	514	US20150315612 서열번호 9
AAVrh.73	515	US20150159173 서열번호 5
AAVrh.74	516	US20150159173 서열번호 6
AAVrh.8	517	US20150159173 서열번호 41
AAVrh.8	518	US20150315612 서열번호 235
AAVrh.8R	519	US20150159173, WO2015168666 서열번호 9
AAVrh.8R A586R 돌연변이체	520	WO2015168666 서열번호 10
AAVrh.8R R533A 돌연변이체	521	WO2015168666 서열번호 11
BAAV(소 AAV)	522	US9193769 서열번호 8
BAAV(소 AAV)	523	US9193769 서열번호 10
BAAV(소 AAV)	524	US9193769 서열번호 4
BAAV(소 AAV)	525	US9193769 서열번호 2

[0490]

[0491]

BAAV(소 AAV)	526	US9193769 서열번호 6
BAAV(소 AAV)	527	US9193769 서열번호 1
BAAV(소 AAV)	528	US9193769 서열번호 5
BAAV(소 AAV)	529	US9193769 서열번호 3
BAAV(소 AAV)	530	US9193769 서열번호 11
BAAV(소 AAV)	531	US7427396 서열번호 5
BAAV(소 AAV)	532	US7427396 서열번호 6
BAAV(소 AAV)	533	US9193769 서열번호 7
BAAV(소 AAV)	534	US9193769 서열번호 9
BNP61 AAV	535	US20150238550 서열번호 1
BNP61 AAV	536	US20150238550 서열번호 2
BNP62 AAV	537	US20150238550 서열번호 3
BNP63 AAV	538	US20150238550 서열번호 4
염소 AAV	539	US7427396 서열번호 3
염소 AAV	540	US7427396 서열번호 4
트루 타입 AAV(ttAAV)	541	WO2015121501 서열번호 2
AAAV(새 AAV)	542	US9238800 서열번호 12
AAAV(새 AAV)	543	US9238800 서열번호 2
AAAV(새 AAV)	544	US9238800 서열번호 6
AAAV(새 AAV)	545	US9238800 서열번호 4
AAAV(새 AAV)	546	US9238800 서열번호 8
AAAV(새 AAV)	547	US9238800 서열번호 14
AAAV(새 AAV)	548	US9238800 서열번호 10
AAAV(새 AAV)	549	US9238800 서열번호 15
AAAV(새 AAV)	550	US9238800 서열번호 5
AAAV(새 AAV)	551	US9238800 서열번호 9
AAAV(새 AAV)	552	US9238800 서열번호 3
AAAV(새 AAV)	553	US9238800 서열번호 7
AAAV(새 AAV)	554	US9238800 서열번호 11
AAAV(새 AAV)	555	US9238800 서열번호 13
AAAV(새 AAV)	556	US9238800 서열번호 1
AAV 셔플 100-1	557	US20160017295 서열번호 23
AAV 셔플 100-1	558	US20160017295 서열번호 11
AAV 셔플 100-2	559	US20160017295 서열번호 37
AAV 셔플 100-2	560	US20160017295 서열번호 29
AAV 셔플 100-3	561	US20160017295 서열번호 24
AAV 셔플 100-3	562	US20160017295 서열번호 12
AAV 셔플 100-7	563	US20160017295 서열번호 25
AAV 셔플 100-7	564	US20160017295 서열번호 13
AAV 셔플 10-2	565	US20160017295 서열번호 34
AAV 셔플 10-2	566	US20160017295 서열번호 26
AAV 셔플 10-6	567	US20160017295 서열번호 35
AAV 셔플 10-6	568	US20160017295 서열번호 27
AAV 셔플 10-8	569	US20160017295 서열번호 36
AAV 셔플 10-8	570	US20160017295 서열번호 28

AAV SM 100-10	571	US20160017295 서열번호 41
AAV SM 100-10	572	US20160017295 서열번호 33
AAV SM 100-3	573	US20160017295 서열번호 40
AAV SM 100-3	574	US20160017295 서열번호 32
AAV SM 10-1	575	US20160017295 서열번호 38
AAV SM 10-1	576	US20160017295 서열번호 30
AAV SM 10-2	577	US20160017295 서열번호 10
AAV SM 10-2	578	US20160017295 서열번호 22
AAV SM 10-8	579	US20160017295 서열번호 39
AAV SM 10-8	580	US20160017295 서열번호 31
AAVF1/HSC1	581	WO2016049230 서열번호 20
AAVF2/HSC2	582	WO2016049230 서열번호 21
AAVF3/HSC3	583	WO2016049230 서열번호 22
AAVF4/HSC4	584	WO2016049230 서열번호 23
AAVF5/HSC5	585	WO2016049230 서열번호 25
AAVF6/HSC6	586	WO2016049230 서열번호 24
AAVF7/HSC7	587	WO2016049230 서열번호 27
AAVF8/HSC8	588	WO2016049230 서열번호 28
AAVF9/HSC9	589	WO2016049230 서열번호 29
AAVF11/HSC11	590	WO2016049230 서열번호 26
AAVF12/HSC12	591	WO2016049230 서열번호 30
AAVF13/HSC13	592	WO2016049230 서열번호 31
AAVF14/HSC14	593	WO2016049230 서열번호 32
AAVF15/HSC15	594	WO2016049230 서열번호 33
AAVF16/HSC16	595	WO2016049230 서열번호 34
AAVF17/HSC17	596	WO2016049230 서열번호 35
AAVF1/HSC1	597	WO2016049230 서열번호 2
AAVF2/HSC2	598	WO2016049230 서열번호 3
AAVF3/HSC3	599	WO2016049230 서열번호 5
AAVF4/HSC4	600	WO2016049230 서열번호 6
AAVF5/HSC5	601	WO2016049230 서열번호 11
AAVF6/HSC6	602	WO2016049230 서열번호 7
AAVF7/HSC7	603	WO2016049230 서열번호 8
AAVF8/HSC8	604	WO2016049230 서열번호 9
AAVF9/HSC9	605	WO2016049230 서열번호 10
AAVF11/HSC11	606	WO2016049230 서열번호 4
AAVF12/HSC12	607	WO2016049230 서열번호 12
AAVF13/HSC13	608	WO2016049230 서열번호 14
AAVF14/HSC14	609	WO2016049230 서열번호 15
AAVF15/HSC15	610	WO2016049230 서열번호 16
AAVF16/HSC16	611	WO2016049230 서열번호 17
AAVF17/HSC17	612	WO2016049230 서열번호 13
AAV CBr-E1	613	US8734809 서열번호 13
AAV CBr-E2	614	US8734809 서열번호 14

[0492]

AAV CBr-E3	615	US8734809 서열번호 15
AAV CBr-E4	616	US8734809 서열번호 16
AAV CBr-E5	617	US8734809 서열번호 17
AAV CBr-e5	618	US8734809 서열번호 18
AAV CBr-E6	619	US8734809 서열번호 19
AAV CBr-E7	620	US8734809 서열번호 20
AAV CBr-E8	621	US8734809 서열번호 21
AAV CLv-D1	622	US8734809 서열번호 22
AAV CLv-D2	623	US8734809 서열번호 23
AAV CLv-D3	624	US8734809 서열번호 24
AAV CLv-D4	625	US8734809 서열번호 25
AAV CLv-D5	626	US8734809 서열번호 26
AAV CLv-D6	627	US8734809 서열번호 27
AAV CLv-D7	628	US8734809 서열번호 28
AAV CLv-D8	629	US8734809 서열번호 29
AAV CLv-E1	630	US8734809 서열번호 13
AAV CLv-R1	631	US8734809 서열번호 30
AAV CLv-R2	632	US8734809 서열번호 31
AAV CLv-R3	633	US8734809 서열번호 32
AAV CLv-R4	634	US8734809 서열번호 33
AAV CLv-R5	635	US8734809 서열번호 34
AAV CLv-R6	636	US8734809 서열번호 35
AAV CLv-R7	637	US8734809 서열번호 36
AAV CLv-R8	638	US8734809 서열번호 37
AAV CLv-R9	639	US8734809 서열번호 38
AAV CLg-F1	640	US8734809 서열번호 39
AAV CLg-F2	641	US8734809 서열번호 40
AAV CLg-F3	642	US8734809 서열번호 41
AAV CLg-F4	643	US8734809 서열번호 42
AAV CLg-F5	644	US8734809 서열번호 43
AAV CLg-F6	645	US8734809 서열번호 43
AAV CLg-F7	646	US8734809 서열번호 44
AAV CLg-F8	647	US8734809 서열번호 43
AAV CSp-1	648	US8734809 서열번호 45
AAV CSp-10	649	US8734809 서열번호 46
AAV CSp-11	650	US8734809 서열번호 47
AAV CSp-2	651	US8734809 서열번호 48
AAV CSp-3	652	US8734809 서열번호 49
AAV CSp-4	653	US8734809 서열번호 50
AAV CSp-6	654	US8734809 서열번호 51
AAV CSp-7	655	US8734809 서열번호 52
AAV CSp-8	656	US8734809 서열번호 53
AAV CSp-9	657	US8734809 서열번호 54
AAV CHt-2	658	US8734809 서열번호 55

[0493]

AAV CHt-3	659	US8734809 서열번호 56
AAV CKd-1	660	US8734809 서열번호 57
AAV CKd-10	661	US8734809 서열번호 58
AAV CKd-2	662	US8734809 서열번호 59
AAV CKd-3	663	US8734809 서열번호 60
AAV CKd-4	664	US8734809 서열번호 61
AAV CKd-6	665	US8734809 서열번호 62
AAV CKd-7	666	US8734809 서열번호 63
AAV CKd-8	667	US8734809 서열번호 64
AAV CLv-1	668	US8734809 서열번호 65
AAV CLv-12	669	US8734809 서열번호 66
AAV CLv-13	670	US8734809 서열번호 67
AAV CLv-2	671	US8734809 서열번호 68
AAV CLv-3	672	US8734809 서열번호 69
AAV CLv-4	673	US8734809 서열번호 70
AAV CLv-6	674	US8734809 서열번호 71
AAV CLv-8	675	US8734809 서열번호 72
AAV CKd-B1	676	US8734809 서열번호 73
AAV CKd-B2	677	US8734809 서열번호 74
AAV CKd-B3	678	US8734809 서열번호 75
AAV CKd-B4	679	US8734809 서열번호 76
AAV CKd-B5	680	US8734809 서열번호 77
AAV CKd-B6	681	US8734809 서열번호 78
AAV CKd-B7	682	US8734809 서열번호 79
AAV CKd-B8	683	US8734809 서열번호 80
AAV CKd-H1	684	US8734809 서열번호 81
AAV CKd-H2	685	US8734809 서열번호 82
AAV CKd-H3	686	US8734809 서열번호 83
AAV CKd-H4	687	US8734809 서열번호 84
AAV CKd-H5	688	US8734809 서열번호 85
AAV CKd-H6	689	US8734809 서열번호 77
AAV CHt-1	690	US8734809 서열번호 86
AAV CLv1-1	691	US8734809 서열번호 171
AAV CLv1-2	692	US8734809 서열번호 172
AAV CLv1-3	693	US8734809 서열번호 173
AAV CLv1-4	694	US8734809 서열번호 174
AAV Clv1-7	695	US8734809 서열번호 175
AAV Clv1-8	696	US8734809 서열번호 176
AAV Clv1-9	697	US8734809 서열번호 177
AAV Clv1-10	698	US8734809 서열번호 178
AAV.VR-355	699	US8734809 서열번호 181
AAV.hu.48R3	700	US8734809 서열번호 183
AAV CBr-E1	701	US8734809 서열번호 87
AAV CBr-E2	702	US8734809 서열번호 88

[0494]

[0495]

AAV CBr-E3	703	US8734809 서열번호 89
AAV CBr-E4	704	US8734809 서열번호 90
AAV CBr-E5	705	US8734809 서열번호 91
AAV CBr-e5	706	US8734809 서열번호 92
AAV CBr-E6	707	US8734809 서열번호 93
AAV CBr-E7	708	US8734809 서열번호 94
AAV CBr-E8	709	US8734809 서열번호 95
AAV CLv-D1	710	US8734809 서열번호 96
AAV CLv-D2	711	US8734809 서열번호 97
AAV CLv-D3	712	US8734809 서열번호 98
AAV CLv-D4	713	US8734809 서열번호 99
AAV CLv-D5	714	US8734809 서열번호 100
AAV CLv-D6	715	US8734809 서열번호 101
AAV CLv-D7	716	US8734809 서열번호 102
AAV CLv-D8	717	US8734809 서열번호 103
AAV CLv-E1	718	US8734809 서열번호 87
AAV CLv-R1	719	US8734809 서열번호 104
AAV CLv-R2	720	US8734809 서열번호 105
AAV CLv-R3	721	US8734809 서열번호 106
AAV CLv-R4	722	US8734809 서열번호 107
AAV CLv-R5	723	US8734809 서열번호 108
AAV CLv-R6	724	US8734809 서열번호 109
AAV CLv-R7	725	US8734809 서열번호 110
AAV CLv-R8	726	US8734809 서열번호 111
AAV CLv-R9	727	US8734809 서열번호 112
AAV CLg-F1	728	US8734809 서열번호 113
AAV CLg-F2	729	US8734809 서열번호 114
AAV CLg-F3	730	US8734809 서열번호 115
AAV CLg-F4	731	US8734809 서열번호 116
AAV CLg-F5	732	US8734809 서열번호 117
AAV CLg-F6	733	US8734809 서열번호 117
AAV CLg-F7	734	US8734809 서열번호 118
AAV CLg-F8	735	US8734809 서열번호 117
AAV CSp-1	736	US8734809 서열번호 119
AAV CSp-10	737	US8734809 서열번호 120
AAV CSp-11	738	US8734809 서열번호 121
AAV CSp-2	739	US8734809 서열번호 122
AAV CSp-3	740	US8734809 서열번호 123
AAV CSp-4	741	US8734809 서열번호 124
AAV CSp-6	742	US8734809 서열번호 125
AAV CSp-7	743	US8734809 서열번호 126
AAV CSp-8	744	US8734809 서열번호 127
AAV CSp-9	745	US8734809 서열번호 128
AAV CHt-2	746	US8734809 서열번호 129

AAV CHt-3	747	US8734809 서열번호 130
AAV CKd-1	748	US8734809 서열번호 131
AAV CKd-10	749	US8734809 서열번호 132
AAV CKd-2	750	US8734809 서열번호 133
AAV CKd-3	751	US8734809 서열번호 134
AAV CKd-4	752	US8734809 서열번호 135
AAV CKd-6	753	US8734809 서열번호 136
AAV CKd-7	754	US8734809 서열번호 137
AAV CKd-8	755	US8734809 서열번호 138
AAV CLv-1	756	US8734809 서열번호 139
AAV CLv-12	757	US8734809 서열번호 140
AAV CLv-13	758	US8734809 서열번호 141
AAV CLv-2	759	US8734809 서열번호 142
AAV CLv-3	760	US8734809 서열번호 143
AAV CLv-4	761	US8734809 서열번호 144
AAV CLv-6	762	US8734809 서열번호 145
AAV CLv-8	763	US8734809 서열번호 146
AAV CKd-B1	764	US8734809 서열번호 147
AAV CKd-B2	765	US8734809 서열번호 148
AAV CKd-B3	766	US8734809 서열번호 149
AAV CKd-B4	767	US8734809 서열번호 150
AAV CKd-B5	768	US8734809 서열번호 151
AAV CKd-B6	769	US8734809 서열번호 152
AAV CKd-B7	770	US8734809 서열번호 153
AAV CKd-B8	771	US8734809 서열번호 154
AAV CKd-H1	772	US8734809 서열번호 155
AAV CKd-H2	773	US8734809 서열번호 156
AAV CKd-H3	774	US8734809 서열번호 157
AAV CKd-H4	775	US8734809 서열번호 158
AAV CKd-H5	776	US8734809 서열번호 159
AAV CKd-H6	777	US8734809 서열번호 151
AAV CHt-1	778	US8734809 서열번호 160
AAV CHt-P2	779	WO2016065001 서열번호 1
AAV CHt-P5	780	WO2016065001 서열번호 2
AAV CHt-P9	781	WO2016065001 서열번호 3
AAV CBr-7.1	782	WO2016065001 서열번호 4
AAV CBr-7.2	783	WO2016065001 서열번호 5
AAV CBr-7.3	784	WO2016065001 서열번호 6
AAV CBr-7.4	785	WO2016065001 서열번호 7
AAV CBr-7.5	786	WO2016065001 서열번호 8
AAV CBr-7.7	787	WO2016065001 서열번호 9
AAV CBr-7.8	788	WO2016065001 서열번호 10
AAV CBr-7.10	789	WO2016065001 서열번호 11
AAV CKd-N3	790	WO2016065001 서열번호 12

[0496]

AAV CKd-N4	791	WO2016065001 서열번호 13
AAV CKd-N9	792	WO2016065001 서열번호 14
AAV CLv-L4	793	WO2016065001 서열번호 15
AAV CLv-L5	794	WO2016065001 서열번호 16
AAV CLv-L6	795	WO2016065001 서열번호 17
AAV CLv-K1	796	WO2016065001 서열번호 18
AAV CLv-K3	797	WO2016065001 서열번호 19
AAV CLv-K6	798	WO2016065001 서열번호 20
AAV CLv-M1	799	WO2016065001 서열번호 21
AAV CLv-M11	800	WO2016065001 서열번호 22
AAV CLv-M2	801	WO2016065001 서열번호 23
AAV CLv-M5	802	WO2016065001 서열번호 24
AAV CLv-M6	803	WO2016065001 서열번호 25
AAV CLv-M7	804	WO2016065001 서열번호 26
AAV CLv-M8	805	WO2016065001 서열번호 27
AAV CLv-M9	806	WO2016065001 서열번호 28
AAV CHt-P1	807	WO2016065001 서열번호 29
AAV CHt-P6	808	WO2016065001 서열번호 30
AAV CHt-P8	809	WO2016065001 서열번호 31
AAV CHt-6.1	810	WO2016065001 서열번호 32
AAV CHt-6.10	811	WO2016065001 서열번호 33
AAV CHt-6.5	812	WO2016065001 서열번호 34
AAV CHt-6.6	813	WO2016065001 서열번호 35
AAV CHt-6.7	814	WO2016065001 서열번호 36
AAV CHt-6.8	815	WO2016065001 서열번호 37
AAV CSp-8.10	816	WO2016065001 서열번호 38
AAV CSp-8.2	817	WO2016065001 서열번호 39
AAV CSp-8.4	818	WO2016065001 서열번호 40
AAV CSp-8.5	819	WO2016065001 서열번호 41
AAV CSp-8.6	820	WO2016065001 서열번호 42
AAV CSp-8.7	821	WO2016065001 서열번호 43
AAV CSp-8.8	822	WO2016065001 서열번호 44
AAV CSp-8.9	823	WO2016065001 서열번호 45
AAV CBr-B7.3	824	WO2016065001 서열번호 46
AAV CBr-B7.4	825	WO2016065001 서열번호 47
AAV3B	826	WO2016065001 서열번호 48
AAV4	827	WO2016065001 서열번호 49
AAV5	828	WO2016065001 서열번호 50
AAV CHt-P2	829	WO2016065001 서열번호 51
AAV CHt-P5	830	WO2016065001 서열번호 52
AAV CHt-P9	831	WO2016065001 서열번호 53
AAV CBr-7.1	832	WO2016065001 서열번호 54
AAV CBr-7.2	833	WO2016065001 서열번호 55
AAV CBr-7.3	834	WO2016065001 서열번호 56

[0497]

AAV CBr-7.4	835	WO2016065001 서열번호 57
AAV CBr-7.5	836	WO2016065001 서열번호 58
AAV CBr-7.7	837	WO2016065001 서열번호 59
AAV CBr-7.8	838	WO2016065001 서열번호 60
AAV CBr-7.10	839	WO2016065001 서열번호 61
AAV CKd-N3	840	WO2016065001 서열번호 62
AAV CKd-N4	841	WO2016065001 서열번호 63
AAV CKd-N9	842	WO2016065001 서열번호 64
AAV CLv-L4	843	WO2016065001 서열번호 65
AAV CLv-L5	844	WO2016065001 서열번호 66
AAV CLv-L6	845	WO2016065001 서열번호 67
AAV CLv-K1	846	WO2016065001 서열번호 68
AAV CLv-K3	847	WO2016065001 서열번호 69
AAV CLv-K6	848	WO2016065001 서열번호 70
AAV CLv-M1	849	WO2016065001 서열번호 71
AAV CLv-M11	850	WO2016065001 서열번호 72
AAV CLv-M2	851	WO2016065001 서열번호 73
AAV CLv-M5	852	WO2016065001 서열번호 74
AAV CLv-M6	853	WO2016065001 서열번호 75
AAV CLv-M7	854	WO2016065001 서열번호 76
AAV CLv-M8	855	WO2016065001 서열번호 77
AAV CLv-M9	856	WO2016065001 서열번호 78
AAV CHt-P1	857	WO2016065001 서열번호 79
AAV CHt-P6	858	WO2016065001 서열번호 80
AAV CHt-P8	859	WO2016065001 서열번호 81
AAV CHt-6.1	860	WO2016065001 서열번호 82
AAV CHt-6.10	861	WO2016065001 서열번호 83
AAV CHt-6.5	862	WO2016065001 서열번호 84
AAV CHt-6.6	863	WO2016065001 서열번호 85
AAV CHt-6.7	864	WO2016065001 서열번호 86
AAV CHt-6.8	865	WO2016065001 서열번호 87
AAV CSp-8.10	866	WO2016065001 서열번호 88
AAV CSp-8.2	867	WO2016065001 서열번호 89
AAV CSp-8.4	868	WO2016065001 서열번호 90
AAV CSp-8.5	869	WO2016065001 서열번호 91
AAV CSp-8.6	870	WO2016065001 서열번호 92
AAV CSp-8.7	871	WO2016065001 서열번호 93
AAV CSp-8.8	872	WO2016065001 서열번호 94
AAV CSp-8.9	873	WO2016065001 서열번호 95
AAV CBr-B7.3	874	WO2016065001 서열번호 96
AAV CBr-B7.4	875	WO2016065001 서열번호 97
AAV3B	876	WO2016065001 서열번호 98
AAV4	877	WO2016065001 서열번호 99
AAV5	878	WO2016065001 서열번호 100

[0498]

GPV	879	US9624274B2 서열번호 192
B19	880	US9624274B2 서열번호 193
MVM	881	US9624274B2 서열번호 194
FPV	882	US9624274B2 서열번호 195
CPV	883	US9624274B2 서열번호 196
AAV6	884	US9546112B2 서열번호 5
AAV6	885	US9457103B2 서열번호 1
AAV2	886	US9457103B2 서열번호 2
ShH10	887	US9457103B2 서열번호 3
ShH13	888	US9457103B2 서열번호 4
ShH10	889	US9457103B2 서열번호 5
ShH10	890	US9457103B2 서열번호 6
ShH10	891	US9457103B2 서열번호 7
ShH10	892	US9457103B2 서열번호 8
ShH10	893	US9457103B2 서열번호 9
rh74	894	US9434928B2 서열번호 1, US2015023924A1 서열번호 2
rh74	895	US9434928B2 서열번호 2, US2015023924A1 서열번호 1
AAV8	896	US9434928B2 서열번호 4
rh74	897	US9434928B2 서열번호 5
rh74(RHM4-1)	898	US2015023924A1 서열번호 5, US20160375110A1 서열번호 4
rh74(RHM15-1)	899	US2015023924A1 서열번호 6, US20160375110A1 서열번호 5
rh74(RHM15-2)	900	US2015023924A1 서열번호 7, US20160375110A1 서열번호 6
rh74(RHM15-3/RHM15-5)	901	US2015023924A1 서열번호 8, US20160375110A1 서열번호 7
rh74(RHM15-4)	902	US2015023924A1 서열번호 9, US20160375110A1 서열번호 8
rh74(RHM15-6)	903	US2015023924A1 서열번호 10, US20160375110A1 서열번호 9
rh74(RHM4-1)	904	US2015023924A1 서열번호 11
rh74(RHM15-1)	905	US2015023924A1 서열번호 12
rh74(RHM15-2)	906	US2015023924A1 서열번호 13
rh74(RHM15-3/RHM15-5)	907	US2015023924A1 서열번호 14
rh74(RHM15-4)	908	US2015023924A1 서열번호 15
rh74(RHM15-6)	909	US2015023924A1 서열번호 16
AAV2(폐 특이적 폴리펩타이드 포함)	910	US20160175389A1 서열번호 9
AAV2(폐 특이적 폴리펩타이드 포함)	911	US20160175389A1 서열번호 10
Anc80	912	US20170051257A1 서열번호 1
Anc80	913	US20170051257A1 서열번호 2
Anc81	914	US20170051257A1 서열번호 3
Anc80	915	US20170051257A1 서열번호 4
Anc82	916	US20170051257A1 서열번호 5

[0499]

Anc82	917	US20170051257A1 서열번호 6
Anc83	918	US20170051257A1 서열번호 7
Anc83	919	US20170051257A1 서열번호 8
Anc84	920	US20170051257A1 서열번호 9
Anc84	921	US20170051257A1 서열번호 10
Anc94	922	US20170051257A1 서열번호 11
Anc94	923	US20170051257A1 서열번호 12
Anc113	924	US20170051257A1 서열번호 13
Anc113	925	US20170051257A1 서열번호 14
Anc126	926	US20170051257A1 서열번호 15
Anc126	927	US20170051257A1 서열번호 16
Anc127	928	US20170051257A1 서열번호 17
Anc127	929	US20170051257A1 서열번호 18
Anc80L27	930	US20170051257A1 서열번호 19
Anc80L59	931	US20170051257A1 서열번호 20
Anc80L60	932	US20170051257A1 서열번호 21
Anc80L62	933	US20170051257A1 서열번호 22
Anc80L65	934	US20170051257A1 서열번호 23
Anc80L33	935	US20170051257A1 서열번호 24
Anc80L36	936	US20170051257A1 서열번호 25
Anc80L44	937	US20170051257A1 서열번호 26
Anc80L1	938	US20170051257A1 서열번호 35
Anc80L1	939	US20170051257A1 서열번호 36
AAV-X1	940	US8283151B2 서열번호 11
AAV-X1b	941	US8283151B2 서열번호 12
AAV-X5	942	US8283151B2 서열번호 13
AAV-X19	943	US8283151B2 서열번호 14
AAV-X21	944	US8283151B2 서열번호 15
AAV-X22	945	US8283151B2 서열번호 16
AAV-X23	946	US8283151B2 서열번호 17
AAV-X24	947	US8283151B2 서열번호 18
AAV-X25	948	US8283151B2 서열번호 19
AAV-X26	949	US8283151B2 서열번호 20
AAV-X1	950	US8283151B2 서열번호 21
AAV-X1b	951	US8283151B2 서열번호 22
AAV-X5	952	US8283151B2 서열번호 23
AAV-X19	953	US8283151B2 서열번호 24
AAV-X21	954	US8283151B2 서열번호 25
AAV-X22	955	US8283151B2 서열번호 26
AAV-X23	956	US8283151B2 서열번호 27
AAV-X24	957	US8283151B2 서열번호 28
AAV-X25	958	US8283151B2 서열번호 29
AAV-X26	959	US8283151B2 서열번호 30
AAVrh8	960	WO2016054554A1 서열번호 8

[0500]

AAVrh8VP2FC5	961	WO2016054554A1 서열번호 9
AAVrh8VP2FC44	962	WO2016054554A1 서열번호 10
AAVrh8VP2ApoB100	963	WO2016054554A1 서열번호 11
AAVrh8VP2RVG	964	WO2016054554A1 서열번호 12
AAVrh8VP2 안지오펩-2 VP2	965	WO2016054554A1 서열번호 13
AAV9.47VP1.3	966	WO2016054554A1 서열번호 14
AAV9.47VP2ICAMg3	967	WO2016054554A1 서열번호 15
AAV9.47VP2RVG	968	WO2016054554A1 서열번호 16
AAV9.47VP2 안지오펩-2	969	WO2016054554A1 서열번호 17
AAV9.47VP2A-스트렙	970	WO2016054554A1 서열번호 18
AAVrh8VP2FC5 VP2	971	WO2016054554A1 서열번호 19
AAVrh8VP2FC44 VP2	972	WO2016054554A1 서열번호 20
AAVrh8VP2ApoB100 VP2	973	WO2016054554A1 서열번호 21
AAVrh8VP2RVG VP2	974	WO2016054554A1 서열번호 22
AAVrh8VP2 안지오펩-2 VP2	975	WO2016054554A1 서열번호 23
AAV9.47VP2ICAMg3 VP2	976	WO2016054554A1 서열번호 24
AAV9.47VP2RVG VP2	977	WO2016054554A1 서열번호 25
AAV9.47VP2 안지오펩-2 VP2	978	WO2016054554A1 서열번호 26
AAV9.47VP2A-스트렙 VP2	979	WO2016054554A1 서열번호 27
rAAV-B1	980	WO2016054557A1 서열번호 1
rAAV-B2	981	WO2016054557A1 서열번호 2
rAAV-B3	982	WO2016054557A1 서열번호 3
rAAV-B4	983	WO2016054557A1 서열번호 4
rAAV-B1	984	WO2016054557A1 서열번호 5
rAAV-B2	985	WO2016054557A1 서열번호 6
rAAV-B3	986	WO2016054557A1 서열번호 7
rAAV-B4	987	WO2016054557A1 서열번호 8
rAAV-L1	988	WO2016054557A1 서열번호 9
rAAV-L2	989	WO2016054557A1 서열번호 10
rAAV-L3	990	WO2016054557A1 서열번호 11
rAAV-L4	991	WO2016054557A1 서열번호 12
rAAV-L1	992	WO2016054557A1 서열번호 13
rAAV-L2	993	WO2016054557A1 서열번호 14
rAAV-L3	994	WO2016054557A1 서열번호 15
rAAV-L4	995	WO2016054557A1 서열번호 16
AAV9	996	WO2016073739A1 서열번호 3
rAAV	997	WO2016081811A1 서열번호 1
rAAV	998	WO2016081811A1 서열번호 2
rAAV	999	WO2016081811A1 서열번호 3
rAAV	1000	WO2016081811A1 서열번호 4
rAAV	1001	WO2016081811A1 서열번호 5

[0501]

rAAV	1002	WO2016081811A1 서열번호 6
rAAV	1003	WO2016081811A1 서열번호 7
rAAV	1004	WO2016081811A1 서열번호 8
rAAV	1005	WO2016081811A1 서열번호 9
rAAV	1006	WO2016081811A1 서열번호 10
rAAV	1007	WO2016081811A1 서열번호 11
rAAV	1008	WO2016081811A1 서열번호 12
rAAV	1009	WO2016081811A1 서열번호 13
rAAV	1010	WO2016081811A1 서열번호 14
rAAV	1011	WO2016081811A1 서열번호 15
rAAV	1012	WO2016081811A1 서열번호 16
rAAV	1013	WO2016081811A1 서열번호 17
rAAV	1014	WO2016081811A1 서열번호 18
rAAV	1015	WO2016081811A1 서열번호 19
rAAV	1016	WO2016081811A1 서열번호 20
rAAV	1017	WO2016081811A1 서열번호 21
rAAV	1018	WO2016081811A1 서열번호 22
rAAV	1019	WO2016081811A1 서열번호 23
rAAV	1020	WO2016081811A1 서열번호 24
rAAV	1021	WO2016081811A1 서열번호 25
rAAV	1022	WO2016081811A1 서열번호 26
rAAV	1023	WO2016081811A1 서열번호 27
rAAV	1024	WO2016081811A1 서열번호 28
rAAV	1025	WO2016081811A1 서열번호 29
rAAV	1026	WO2016081811A1 서열번호 30
rAAV	1027	WO2016081811A1 서열번호 31
rAAV	1028	WO2016081811A1 서열번호 32
rAAV	1029	WO2016081811A1 서열번호 33
rAAV	1030	WO2016081811A1 서열번호 34
rAAV	1031	WO2016081811A1 서열번호 35
rAAV	1032	WO2016081811A1 서열번호 36
rAAV	1033	WO2016081811A1 서열번호 37
rAAV	1034	WO2016081811A1 서열번호 38
rAAV	1035	WO2016081811A1 서열번호 39
rAAV	1036	WO2016081811A1 서열번호 40
rAAV	1037	WO2016081811A1 서열번호 41
rAAV	1038	WO2016081811A1 서열번호 42
rAAV	1039	WO2016081811A1 서열번호 43
rAAV	1040	WO2016081811A1 서열번호 44
rAAV	1041	WO2016081811A1 서열번호 45
rAAV	1042	WO2016081811A1 서열번호 46
rAAV	1043	WO2016081811A1 서열번호 47
rAAV	1044	WO2016081811A1 서열번호 48
rAAV	1045	WO2016081811A1 서열번호 49

[0502]

rAAV	1046	WO2016081811A1 서열번호 50
rAAV	1047	WO2016081811A1 서열번호 51
rAAV	1048	WO2016081811A1 서열번호 52
rAAV	1049	WO2016081811A1 서열번호 53
rAAV	1050	WO2016081811A1 서열번호 54
rAAV	1051	WO2016081811A1 서열번호 55
rAAV	1052	WO2016081811A1 서열번호 56
rAAV	1053	WO2016081811A1 서열번호 57
rAAV	1054	WO2016081811A1 서열번호 58
rAAV	1055	WO2016081811A1 서열번호 59
rAAV	1056	WO2016081811A1 서열번호 60
rAAV	1057	WO2016081811A1 서열번호 61
rAAV	1058	WO2016081811A1 서열번호 62
rAAV	1059	WO2016081811A1 서열번호 63
rAAV	1060	WO2016081811A1 서열번호 64
rAAV	1061	WO2016081811A1 서열번호 65
rAAV	1062	WO2016081811A1 서열번호 66
rAAV	1063	WO2016081811A1 서열번호 67
rAAV	1064	WO2016081811A1 서열번호 68
rAAV	1065	WO2016081811A1 서열번호 69
rAAV	1066	WO2016081811A1 서열번호 70
rAAV	1067	WO2016081811A1 서열번호 71
rAAV	1068	WO2016081811A1 서열번호 72
rAAV	1069	WO2016081811A1 서열번호 73
rAAV	1070	WO2016081811A1 서열번호 74
rAAV	1071	WO2016081811A1 서열번호 75
rAAV	1072	WO2016081811A1 서열번호 76
rAAV	1073	WO2016081811A1 서열번호 77
rAAV	1074	WO2016081811A1 서열번호 78
rAAV	1075	WO2016081811A1 서열번호 79
rAAV	1076	WO2016081811A1 서열번호 80
rAAV	1077	WO2016081811A1 서열번호 81
rAAV	1078	WO2016081811A1 서열번호 82
rAAV	1079	WO2016081811A1 서열번호 83
rAAV	1080	WO2016081811A1 서열번호 84
rAAV	1081	WO2016081811A1 서열번호 85
rAAV	1082	WO2016081811A1 서열번호 86
rAAV	1083	WO2016081811A1 서열번호 87
rAAV	1084	WO2016081811A1 서열번호 88
rAAV	1085	WO2016081811A1 서열번호 89
rAAV	1086	WO2016081811A1 서열번호 90
rAAV	1087	WO2016081811A1 서열번호 91
rAAV	1088	WO2016081811A1 서열번호 92
rAAV	1089	WO2016081811A1 서열번호 93

[0503]

rAAV	1090	WO2016081811A1 서열번호 94
rAAV	1091	WO2016081811A1 서열번호 95
rAAV	1092	WO2016081811A1 서열번호 96
rAAV	1093	WO2016081811A1 서열번호 97
rAAV	1094	WO2016081811A1 서열번호 98
rAAV	1095	WO2016081811A1 서열번호 99
rAAV	1096	WO2016081811A1 서열번호 100
rAAV	1097	WO2016081811A1 서열번호 101
rAAV	1098	WO2016081811A1 서열번호 102
rAAV	1099	WO2016081811A1 서열번호 103
rAAV	1100	WO2016081811A1 서열번호 104
rAAV	1101	WO2016081811A1 서열번호 105
rAAV	1102	WO2016081811A1 서열번호 106
rAAV	1103	WO2016081811A1 서열번호 107
rAAV	1104	WO2016081811A1 서열번호 108
rAAV	1105	WO2016081811A1 서열번호 109
rAAV	1106	WO2016081811A1 서열번호 110
rAAV	1107	WO2016081811A1 서열번호 111
rAAV	1108	WO2016081811A1 서열번호 112
rAAV	1109	WO2016081811A1 서열번호 113
rAAV	1110	WO2016081811A1 서열번호 114
rAAV	1111	WO2016081811A1 서열번호 115
rAAV	1112	WO2016081811A1 서열번호 116
rAAV	1113	WO2016081811A1 서열번호 117
rAAV	1114	WO2016081811A1 서열번호 118
rAAV	1115	WO2016081811A1 서열번호 119
rAAV	1116	WO2016081811A1 서열번호 120
rAAV	1117	WO2016081811A1 서열번호 121
rAAV	1118	WO2016081811A1 서열번호 122
rAAV	1119	WO2016081811A1 서열번호 123
rAAV	1120	WO2016081811A1 서열번호 124
rAAV	1121	WO2016081811A1 서열번호 125
rAAV	1122	WO2016081811A1 서열번호 126
rAAV	1123	WO2016081811A1 서열번호 127
rAAV	1124	WO2016081811A1 서열번호 128
AAV8 E532K	1125	WO2016081811A1 서열번호 133
AAV8 E532K	1126	WO2016081811A1 서열번호 134
rAAV4	1127	WO2016115382A1 서열번호 2
rAAV4	1128	WO2016115382A1 서열번호 3
rAAV4	1129	WO2016115382A1 서열번호 4
rAAV4	1130	WO2016115382A1 서열번호 5
rAAV4	1131	WO2016115382A1 서열번호 6
rAAV4	1132	WO2016115382A1 서열번호 7
rAAV4	1133	WO2016115382A1 서열번호 8

[0504]

[0505]

rAAV4	1134	WO2016115382A1 서열번호 9
rAAV4	1135	WO2016115382A1 서열번호 10
rAAV4	1136	WO2016115382A1 서열번호 11
rAAV4	1137	WO2016115382A1 서열번호 12
rAAV4	1138	WO2016115382A1 서열번호 13
rAAV4	1139	WO2016115382A1 서열번호 14
rAAV4	1140	WO2016115382A1 서열번호 15
rAAV4	1141	WO2016115382A1 서열번호 16
rAAV4	1142	WO2016115382A1 서열번호 17
rAAV4	1143	WO2016115382A1 서열번호 18
rAAV4	1144	WO2016115382A1 서열번호 19
rAAV4	1145	WO2016115382A1 서열번호 20
rAAV4	1146	WO2016115382A1 서열번호 21
AAV11	1147	WO2016115382A1 서열번호 22
AAV12	1148	WO2016115382A1 서열번호 23
rh32	1149	WO2016115382A1 서열번호 25
rh33	1150	WO2016115382A1 서열번호 26
rh34	1151	WO2016115382A1 서열번호 27
rAAV4	1152	WO2016115382A1 서열번호 28
rAAV4	1153	WO2016115382A1 서열번호 29
rAAV4	1154	WO2016115382A1 서열번호 30
rAAV4	1155	WO2016115382A1 서열번호 31
rAAV4	1156	WO2016115382A1 서열번호 32
rAAV4	1157	WO2016115382A1 서열번호 33
AAV2/8	1158	WO2016131981A1 서열번호 47
AAV2/8	1159	WO2016131981A1 서열번호 48
선조 AAV	1160	WO2016154344A1 서열번호 7
선조 AAV 변이체 C4	1161	WO2016154344A1 서열번호 13
선조 AAV 변이체 C7	1162	WO2016154344A1 서열번호 14
선조 AAV 변이체 G4	1163	WO2016154344A1 서열번호 15
선조 AAV 변이체, C4, C7 및 G4 의 컨센서스 아미노산 서열	1164	WO2016154344A1 서열번호 16
선조 AAV 변이체, C4 및 C7 의 컨센서스 아미노산 서열	1165	WO2016154344A1 서열번호 17
AAV8(AAV2 포스포리페이스 도메인을 가짐)	1166	WO2016150403A1 서열번호 13
AAV VR-942n	1167	US20160289275A1 서열번호 10
AAV5-A(M569V)	1168	US20160289275A1 서열번호 13
AAV5-A(M569V)	1169	US20160289275A1 서열번호 14
AAV5-A(Y585V)	1170	US20160289275A1 서열번호 16
AAV5-A(Y585V)	1171	US20160289275A1 서열번호 17
AAV5-A(L587T)	1172	US20160289275A1 서열번호 19

[0506]

AAV5-A(L587T)	1173	US20160289275A1 서열번호 20
AAV5-A(Y585V/L587T)	1174	US20160289275A1 서열번호 22
AAV5-A(Y585V/L587T)	1175	US20160289275A1 서열번호 23
AAV5-B(D652A)	1176	US20160289275A1 서열번호 25
AAV5-B(D652A)	1177	US20160289275A1 서열번호 26
AAV5-B(T362M)	1178	US20160289275A1 서열번호 28
AAV5-B(T362M)	1179	US20160289275A1 서열번호 29
AAV5-B(Q359D)	1180	US20160289275A1 서열번호 31
AAV5-B(Q359D)	1181	US20160289275A1 서열번호 32
AAV5-B(E350Q)	1182	US20160289275A1 서열번호 34
AAV5-B(E350Q)	1183	US20160289275A1 서열번호 35
AAV5-B(P533S)	1184	US20160289275A1 서열번호 37
AAV5-B(P533S)	1185	US20160289275A1 서열번호 38
AAV5-B(P533G)	1186	US20160289275A1 서열번호 40
AAV5-B(P533G)	1187	US20160289275A1 서열번호 41
루프 VII 의 AAV5-돌연변이	1188	US20160289275A1 서열번호 43
루프 VII 의 AAV5-돌연변이	1189	US20160289275A1 서열번호 44
AAV8	1190	US20160289275A1 서열번호 47
Mut A(LK03/AAV8)	1191	WO2016181123A1 서열번호 1
Mut B(LK03/AAV5)	1192	WO2016181123A1 서열번호 2
Mut C(AAV8/AAV3B)	1193	WO2016181123A1 서열번호 3
Mut D(AAV5/AAV3B)	1194	WO2016181123A1 서열번호 4
Mut E(AAV8/AAV3B)	1195	WO2016181123A1 서열번호 5
Mut F(AAV3B/AAV8)	1196	WO2016181123A1 서열번호 6
AAV44.9	1197	WO2016183297A1 서열번호 4
AAV44.9	1198	WO2016183297A1 서열번호 5
AAVrh8	1199	WO2016183297A1 서열번호 6
AAV44.9(S470N)	1200	WO2016183297A1 서열번호 9
rh74 VP1	1201	US20160375110A1 서열번호 1
AAV-LK03(L125I)	1202	WO2017015102A1 서열번호 5
AAV3B(S663V+T492V)	1203	WO2017015102A1 서열번호 6
Anc80	1204	WO2017019994A2 서열번호 1
Anc80	1205	WO2017019994A2 서열번호 2
Anc81	1206	WO2017019994A2 서열번호 3
Anc81	1207	WO2017019994A2 서열번호 4
Anc82	1208	WO2017019994A2 서열번호 5
Anc82	1209	WO2017019994A2 서열번호 6
Anc83	1210	WO2017019994A2 서열번호 7
Anc83	1211	WO2017019994A2 서열번호 8
Anc84	1212	WO2017019994A2 서열번호 9
Anc84	1213	WO2017019994A2 서열번호 10
Anc94	1214	WO2017019994A2 서열번호 11

Anc94	1215	WO2017019994A2 서열번호 12
Anc113	1216	WO2017019994A2 서열번호 13
Anc113	1217	WO2017019994A2 서열번호 14
Anc126	1218	WO2017019994A2 서열번호 15
Anc126	1219	WO2017019994A2 서열번호 16
Anc127	1220	WO2017019994A2 서열번호 17
Anc127	1221	WO2017019994A2 서열번호 18
Anc80L27	1222	WO2017019994A2 서열번호 19
Anc80L59	1223	WO2017019994A2 서열번호 20
Anc80L60	1224	WO2017019994A2 서열번호 21
Anc80L62	1225	WO2017019994A2 서열번호 22
Anc80L65	1226	WO2017019994A2 서열번호 23
Anc80L33	1227	WO2017019994A2 서열번호 24
Anc80L36	1228	WO2017019994A2 서열번호 25
Anc80L44	1229	WO2017019994A2 서열번호 26
Anc80L1	1230	WO2017019994A2 서열번호 35
Anc80L1	1231	WO2017019994A2 서열번호 36
AAVrh10	1232	WO2017019994A2 서열번호 41
Anc110	1233	WO2017019994A2 서열번호 42
Anc110	1234	WO2017019994A2 서열번호 43
AAVrh32.33	1235	WO2017019994A2 서열번호 45
AAVrh74	1236	WO2017049031A1 서열번호 1
AAV2	1237	WO2017053629A2 서열번호 49
AAV2	1238	WO2017053629A2 서열번호 50
AAV2	1239	WO2017053629A2 서열번호 82
파보-유사 바이러스	1240	WO2017070476A2 서열번호 1
파보-유사 바이러스	1241	WO2017070476A2 서열번호 2
파보-유사 바이러스	1242	WO2017070476A2 서열번호 3
파보-유사 바이러스	1243	WO2017070476A2 서열번호 4
파보-유사 바이러스	1244	WO2017070476A2 서열번호 5
파보-유사 바이러스	1245	WO2017070476A2 서열번호 6
AAVrh.10	1246	WO2017070516A1 서열번호 7
AAVrh.10	1247	WO2017070516A1 서열번호 14
AAV2tYF	1248	WO2017070491A1 서열번호 1
AAV-SPK	1249	WO2017075619A1 서열번호 28
AAV2.5	1250	US20170128528A1 서열번호 13
AAV1.1	1251	US20170128528A1 서열번호 15
AAV6.1	1252	US20170128528A1 서열번호 17
AAV6.3.1	1253	US20170128528A1 서열번호 18
AAV2i8	1254	US20170128528A1 서열번호 28
AAV2i8	1255	US20170128528A1 서열번호 29
ttAAV	1256	US20170128528A1 서열번호 30
ttAAV-S312N	1257	US20170128528A1 서열번호 32
ttAAV-S312N	1258	US20170128528A1 서열번호 33
AAV6(Y705, Y731, 및 T492)	1259	WO2016134337A1 서열번호 24
AAV2	1260	WO2016134375A1 서열번호 9
AAV2	1261	WO2016134375A1 서열번호 10

[0507]

[0508] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV9(WO2015038958의 서열번호 2 및 11, 또는 본 명세서에서의 서열번호 137 및 138 각각), PHP.B(WO2015038958의 서열번호 8 및 9, 본 명세서에서의 서열번호 5 및 6), G2B-13(WO2015038958의 서열번호 12, 본 명세서에서의 서열번호 7), G2B-26(WO2015038958의 서열번호 13, 본 명세서에서의 서열번호 5), TH1.1-32(WO2015038958의 서열번호 14, 본 명세서에서의 서열번호 8), TH1.1-35(WO2015038958의 서열번호 15, 본 명세서에서의 서열번호 9) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 WO2015038958에 기재되어 있는 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다. 또한, WO2015038958에 기재된 임의의 표적화 펩타이드 또는 아미노산 삽입체는 AAV9(DNA 서열의 경우 서열번호 137 및 아미노산 서열의 경우 서열번호 138)와 같으나 이에 제한되지 않는 임의의 모 AAV 혈청형에 삽입될 수 있다. 또 다른 실시형태에서, 아미노산 삽입체는 모 AAV 서열의 588번 내지 589번 아미노산 사이에 삽입된다. 아미노산 삽입체는 임의의 다음 아미노산 서열 TLAVPFK(본 명세서에서의 서열번호 1262), KFPVALT(서열번호 1263), LAVPFK(서열번호 1264), AVPFK(서열번호 1265), VPFK(서열번호 1266), TLAVPF(서열번호 1267), TLAVP(서열번호 1268), TLAV(서열번호 1269), SVSKPFL(서열번호 1270), FTLTTPK(서열번호 1271), MNATKNV(서열번호 1272), QSSQTPR(서열번호 1273), ILGTGTS(서열번호 1274),

TRTNPEA(서열번호 1275), NGGTSSS(서열번호 1276) 또는 YTLSQGW(서열번호 1277)일 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 아미노산 삽입체를 암호화할 수 있는 뉴클레오타이드 서열의 비제한적인 예는 다음 서열번호 1278, 서열번호 1279, 서열번호 1280, 서열번호 1281, 서열번호 1282, 서열번호 1283, 서열번호 1284, 서열번호 1285, 서열번호 1286 또는 서열번호 1287을 포함한다.

[0509] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV9(WO2017100671의 서열번호 45, 본 명세서에서의 서열번호 11), PHP.N(WO2017100671의 서열번호 46, 본 명세서에서의 서열번호 4), PHP.S(WO2017100671의 서열번호 47, 본 명세서에서의 서열번호 10) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 WO2017100671호에 기재되어 있는 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다. 또한, WO2017100671에 기재되어 있는 임의의 표적화 펩타이드 또는 아미노산 삽입체는 AAV9와 같으나 이에 제한되지 않는 임의의 모 AAV 혈청형에 삽입될 수 있다. 일부 실시형태에서, 아미노산 삽입체는 모 AAV(예를 들어, AAV9)의 586번 내지 592번 아미노산 사이에 삽입된다. 또 다른 실시형태에서, 아미노산 삽입체는 모 AAV 서열의 588번 내지 589번 아미노산 사이에 삽입된다. 아미노산 삽입체는 임의의 다음 아미노산 서열 AQTLAVPFKAQ(서열번호 1288), AQSVSKPFLAQ(서열번호 1289), AQFTLTTPKAQ(서열번호 1290), DGTLAVPFKAQ(서열번호 1291), ESTLAVPFKAQ(서열번호 1292), GGTLAVPFKAQ(서열번호 1293), AQTLATPFKAQ(서열번호 1294), ATTLATPFKAQ(서열번호 1295), DGTLATPFKAQ(서열번호 1296), GGTLATPFKAQ(서열번호 1297), SGSLAVPFKAQ(서열번호 1298), AQTLAQPFKAQ(서열번호 1299), AQTLQQPFKAQ(서열번호 1300), AQTLSNPFKAQ(서열번호 1301), AQTLAVPFSNP(서열번호 1302), QGTLAVPFKAQ(서열번호 1303), NQTLAVPFKAQ(서열번호 1304), EGSLAVPFKAQ(서열번호 1305), SGNLAVPFKAQ(서열번호 1306), EGTLAVPFKAQ(서열번호 1307), DSTLAVPFKAQ(서열번호 1308), AVTLAVPFKAQ(서열번호 1309), AQTLSTPFKAQ(서열번호 1310), AQTLPQPFKAQ(서열번호 1311), AQTLSQPFKAQ(서열번호 1312), AQTLQLPFKAQ(서열번호 1313), AQTLTMPFKAQ(서열번호 1314), AQTLTTPFKAQ(서열번호 1315), AQYTLSQGWAQ(서열번호 1316), AQMNATKNVAQ(서열번호 1317), AQVSGGHHSAQ(서열번호 1318), AQTLTAPFKAQ(서열번호 1319), AQTLSKPFKAQ(서열번호 1320), QAVRTSL(서열번호 1321), YTLSQGW(서열번호 1277), LAKERLS(서열번호 1322), TLAVPFK(서열번호 1262), SVSKPFL(서열번호 1270), FTLTTPK(서열번호 1271), MNSTKNV(서열번호 1323), VSGGHHS(서열번호 1324), SAQTLAVPFKAQAQ(서열번호 1325), SXXXLAVPFKAQAQ(여기서 X는 임의의 아미노산일 수 있음; 서열번호 1326), SAQXXXVPFKAQAQ(여기서 X는 임의의 아미노산일 수 있음; 서열번호 1327), SAQTLXXXFKAQAQ(여기서 X는 임의의 아미노산일 수 있음; 서열번호 1328), SAQTLAVXXXAQAQ(여기서 X는 임의의 아미노산일 수 있음; 서열번호 1329), SAQTLAVPFXXXAQ(여기서 X는 임의의 아미노산일 수 있음; 서열번호 1330), TNHQSAQ(서열번호 1331), AQAQTGW(서열번호 1332), DGTLATPFK(서열번호 1333), DGTLATPFKXX(여기서 X는 임의의 아미노산일 수 있음; 서열번호 1334), LAVPFKAQ(서열번호 1335), VPFKAQ(서열번호 1336), FKAQ(서열번호 1337), AQTLAV(서열번호 1338), AQTLAVPF(서열번호 1339), QAVR(서열번호 1340), AVRT(서열번호 1341), VRTS(서열번호 1342), RTSL(서열번호 1343), QAVRT(서열번호 1344), AVRTS(서열번호 1345), VRTSL(서열번호 1346), QAVRTS(서열번호 1347) 또는 AVRTSL(서열번호 1348)일 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 아미노산 삽입체를 암호화할 수 있는 뉴클레오타이드 서열의 비제한적인 예는 다음 서열번호 1349, 서열번호 1350, 서열번호 1351, 서열번호 1352, 서열번호 1353, 서열번호 1354, 서열번호 1355, 서열번호 1356, 서열번호 1357, 서열번호 1358(여기서 N은 A, C, T 또는 G일 수 있음), 서열번호 1359(여기서 N은 A, C, T 또는 G일 수 있음), 서열번호 1360(여기서 N은 A, C, T 또는 G일 수 있음), 서열번호 1361(여기서 N은 A, C, T 또는 G일 수 있음); 본 명세서에서의 서열번호 1362(여기서 N은 A, C, T 또는 G일 수 있음), 서열번호 1279, 서열번호 1280, 서열번호 1281, 서열번호 1287 또는 서열번호 1363을 포함한다.

[0510] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV1(US9624274의 서열번호 181), AAV6(US9624274의 서열번호 182), AAV2(US9624274의 서열번호 183), AAV3b(US9624274의 서열번호 184), AAV7(US9624274의 서열번호 185), AAV8(US9624274의 서열번호 186), AAV10(US9624274의 서열번호 187), AAV4(US9624274의 서열번호 188), AAV11(US9624274의 서열번호 189), bAAV(US9624274의 서열번호 190), AAV5(US9624274의 서열번호 191), GPV(US9624274의 서열번호 192; 본 명세서에서의 서열번호 879), B19(US9624274의 서열번호 193; 본 명세서에서의 서열번호 880), MVM(US9624274의 서열번호 194; 본 명세서에서의 서열번호 881), FPV(US9624274의 서열번호 195; 본 명세서에서의 서열번호 882), CPV(US9624274의 서열번호 196; 본 명세서에서의 서열번호 883) 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 9624274호에 기재되어 있는 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다. 또한, US 9624274에 기재되어 있는 임의의 구조 단백질 삽입체는 AAV2(US9624274의 서열번호 183)와 같으나 이에 제한되지 않는 임의의 모 AAV 혈청형의 I-453 및 I-587에 삽입될 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 아미노산 삽입체는 임의의 다음 아미노산 서열 VNLTWSRASG(서열번호 1364), EFCINHRGYWVCGD(서열번호 1365), EDGQVMDVDLS(서열번호 1366),

EKQRNGTLT(서열번호 1367), TYQCRVTHPHLPRALMR(서열번호 1368), RHSTTQPRKTKGSG(서열번호 1369), DSNPRGVSAYLSR(서열번호 1370), TITCLWDLAPSK(서열번호 1371), KTKGSGFFVF(서열번호 1372), THPHLPRALMRS(서열번호 1373), GETYQCRVTHPHLPRALMRSTTK(서열번호 1374), LPRALMRS(서열번호 1375), INHRGYWV(서열번호 1376), CDAGSVRTNAPD(서열번호 1377), AKAVSNLTESRSESLQS(서열번호 1378), SLTGDEFKKVLET(서열번호 1379), REAVAYRFEED(서열번호 1380), INPEIITLDG(서열번호 1381), DISVTGAPVITATYL(서열번호 1382), DISVTGAPVITA(서열번호 1383), PKTVSNLTESSSESVQS(서열번호 1384), SLMGDEFKAVLET(서열번호 1385), QHSVAYTFEED(서열번호 1386), INPEIITRDG(서열번호 1387), DISLTGDPVITASYL(서열번호 1388), DISLTGDPVITA(서열번호 1389), DQSIDFEIDSA(서열번호 1390), KNVSEDLPLPTFSPTLLGDS(서열번호 1391), KNVSEDLPLPT(서열번호 1392), CDSGRVRTDAPD(서열번호 1393), FPEHLLVDFLQSLS(서열번호 1394), DAEFRHDSG(서열번호 1395), HYAAAQWDFGNTMCQL(서열번호 1396), YAAQWDFGNTMCQ(서열번호 1397), RSQKEGLHYT(서열번호 1398), SSRTPSDKPVAHWANPQAE(서열번호 1399), SRTPSDKPVAHWANP(서열번호 1400), SSRTPSDKP(서열번호 1401), NADGNVDYHMNSVP(서열번호 1402), DGNVDYHMNSV(서열번호 1403), RSFKEFLQSSLRALRQ(서열번호 1404); FKEFLQSSLRA(서열번호 1405) 또는 QMWAPQWGPD(서열번호 1406)일 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0511] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 천연 AAV2 캡시드 단백질의 585번 내지 590번 아미노산 위치에 하나 이상의 아미노산의 변형을 포함하는 AAV 캡시드 단백질과 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US9475845호에 기재되어 있는 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다. 추가로, 변형은 아미노산 서열 RGNRQA(서열번호 1407), SSSTDP(서열번호 1408), SSNTAP(서열번호 1409), SNSNLP(본 명세서에서의 서열번호 1410), SSTTAP(서열번호 1411), AANTAA(서열번호 1412), QQNTAP(서열번호 1413), SAQAQA(서열번호 1414), QANTGP(서열번호 1415), NATTAP(서열번호 1416), SSTAGP(서열번호 1417), QQNTAA(서열번호 1418), PSTAGP(서열번호 1419), NQNTAP(서열번호 1420), QAANAP(서열번호 1421), SIVGLP(서열번호 1422), AASTAA(서열번호 1423), SQNTTA(서열번호 1424), QQDTAP(서열번호 1425), QTNTGP(서열번호 1426), QTNGAP(서열번호 1427), QQNAAP(서열번호 1428) 또는 AANTQA(서열번호 1429)를 초래할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 일부 실시형태에서, 아미노산 변형은 천연 AAV2 캡시드 단백질의 262번 내지 265번 아미노산 위치 또는 표적화 서열을 갖는 또 다른 AAV의 캡시드 단백질의 상응하는 위치에서의 치환이다. 표적화 서열은 임의의 아미노산 서열, NGRAHA(서열번호 1430), QPEHSST(서열번호 1431), VNTANST(서열번호 1432), HGPMQKS(서열번호 1433), PHKPPLA(서열번호 1434), IKNNEMW(서열번호 1435), RNLDTPM(서열번호 1436), VDSHRQS(서열번호 1437), YDSKTKT(서열번호 1438), SQLPHQK(서열번호 1439), STMQQNT(서열번호 1440), TERYMTQ(서열번호 1441), DASLSTS(서열번호 1442), DLPNKKT(서열번호 1443), DLTAARL(서열번호 1444), EPHQFNY(서열번호 1445), EPQSNHT(서열번호 1446), MSSWPSQ(서열번호 1447), NPKHNAT(서열번호 1448), PDGMRTT(서열번호 1449), PNNNKTT(서열번호 1450), QSTTHDS(서열번호 1451), TGSKQKQ(서열번호 1452), SLKHQAL(서열번호 1453), SPIDGEQ(서열번호 1454), WIFPWIQL(서열번호 1455), CDCRGDCFC(서열번호 1456), CNGRC(서열번호 1457), CPRECES(서열번호 1458), CTTHWGFTLC(서열번호 1459), CGRRAGGSC(서열번호 1460), CKGGRAKDC(서열번호 1461), CVPELGHEC(서열번호 1462), CRRETAWAK(서열번호 1463), VSWFSHRYSPFAVS(서열번호 1464), GYRDGYAGPILYN(서열번호 1465), XXXYXXX(서열번호 1466), YXNW(서열번호 1467), RPLPPLP(서열번호 1468), APPLPPR(서열번호 1469), DVFYPYPYASGS(서열번호 1470), MYWYPY(서열번호 1471), DITWDQLWDLMK(서열번호 1472), CWDDXWLC(서열번호 1473), EWCEYLGGYLRCYA(서열번호 1474), YXCXXGPXTWXCXP(서열번호 1475), IEGPTLRQWLAARA(서열번호 1476), LWXXX(서열번호 1477), XFXXYLW(서열번호 1478), SSIISHFRWGLCD(서열번호 1479), MSRPACPPNDKYE(서열번호 1480), CLRSGRGC(서열번호 1481), CHWMFSPWC(서열번호 1482), WXXF(서열번호 1483), CSSRLDAC(서열번호 1484), CLPVASC(서열번호 1485), CGFECVRQCPERC(서열번호 1486), CVALCREACGEGC(서열번호 1487), SWCEPGWCR(서열번호 1488), YSGKWGW(서열번호 1489), GLSGGRS(서열번호 1490), LMLPRAD(서열번호 1491), CSCFRDVCC(서열번호 1492), CRDVVSVIC(서열번호 1493), MARSGL(서열번호 1494), MARAKE(서열번호 1495), MSRTMS(서열번호 1496, KCCYSL(서열번호 1497), MYWGDSHWLQYWYE(서열번호 1498), MQLPLAT(서열번호 1499), EWLS(서열번호 1500), SNEW(서열번호 1501), TNYL(서열번호 1502), WDLAWMFRLPVG(서열번호 1503), CTVALPGGYVRVC(서열번호 1504), CVAYCIEHHCWTC(서열번호 1505), CVFAHNYDYLVC(서열번호 1506), CVFTSNYAFC(서열번호 1507), VHSPNKK(서열번호 1508), CRGDGWC(서열번호 1509), XRGCDX(서열번호 1510), PXXX(서열번호 1511), SGKGPRQITAL(서열번호 1512), AAAAAAAAAXXXXX(서열번호 1513), VYMSPF(서열번호 1514), ATWLPPR(서열번호 1515), HTMYYHHYQHHL(서열번호 1516), SEVGCRAGPLQWLCEKYFG(서열번호 1517), CGLLPVGRPDRNVWRWLC(서열번호 1518), CKGQCDRFKGLPWEC(서열번호 1519), SGRSA(서열번호 1520), WGFP(서열번호 1521), AEPMPHSLNFSQYLWYT(서열번호 1522), WAYXSP(서열번호 1523), IELLQAR(서열번호 1524), AYTKCSRQWRTCMTTH(서열번호 1525), PQNSKIPGPTFLDPH(서열번호 1526), SMEPALPDWWWKMFK(서열번호 1527), ANTPCGPYTHDCPVKR(서열번호 1528), TACHQHVRMVRP(서열번호 1529),

VPWMEPAYQRFL(서열번호 1530), DPRATPGS(서열번호 1531), FRPNRAQDYNTN(서열번호 1532), CTKNSYLMC(서열번호 1533), CXXTXXXGXGC(서열번호 1534), CPIEDRPMC(서열번호 1535), HEWSYLAPYPWF(서열번호 1536), MCPKHPLGC(서열번호 1537), RMWPSSTVNLSAGRR(서열번호 1538), SAKTAVSQRVWLPSHRGGEP(서열번호 1539), KSREHVNNSACPSKRITAAL(서열번호 1540), EGFR(서열번호 1541), AGLGVR(서열번호 1542), GTRQGHTMRLGVSDG(서열번호 1543), IAGLATPGWSHWLAL(서열번호 1544), SMSIARL(서열번호 1545), HTFEPGV(서열번호 1546), NTSLKRISNKRIRRK(서열번호 1547), LRIKRKRRKRKKTRK(서열번호 1548), GGG, GFS, LWS, EGG, LLV, LSP, LBS, AGG, GRR, GGH 및 GTV일 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0512] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAV2(US 20160369298의 서열번호 97; 본 명세서에서의 서열번호 1549)의 부위-특이적 돌연변이 캡시드 단백질 또는 이들의 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 제US 20160369298호에 기재되어 있는 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있되, 특이적 부위는 VP1의 부위 R447, G453, S578, N587, N587+1, S662 또는 이들의 단편으로부터 선택되는 적어도 하나의 부위이다.

[0513] 또한, US 20160369298에 기재되어 있는 임의의 돌연변이된 서열은 임의의 다음 서열 SDSGASN(서열번호 1550), SPSGASN(서열번호 1551), SHSGASN(서열번호 1552), SRSGASN(서열번호 1553), SKSGASN(서열번호 1554), SNSGASN(서열번호 1555), SGSGASN(서열번호 1556), SASGASN(서열번호 1557), SESGTSN(서열번호 1558), STTGGSN(서열번호 1559), SSAGSTN(서열번호 1560), NNDSQA(서열번호 1561), NNRNQA(서열번호 1562), NNNKQA(서열번호 1563), NAKRQA(서열번호 1564), NDEHQA(서열번호 1565), NTSQKA(서열번호 1566), YYLSRTNTPSGTDTQSRLVFSQAGA(서열번호 1567), YYLSRTNTDSGTETQSGLDFSQAGA(서열번호 1568), YYLSRTNTESGTPTQSALEFSQAGA(서열번호 1569), YYLSRTNTHSGTHTQSPLHFSQAGA(서열번호 1570), YYLSRTNTSSGTITISHLIFSQAGA(서열번호 1571), YYLSRTNTRSGIMTKSSLMFSQAGA(서열번호 1572), YYLSRTNTKSGRKTLSNLSFSQAGA(서열번호 1573), YYLSRTNDGSGPVTPSKLRFSQRGA(서열번호 1574), YYLSRTNAASGHATHSDLKFSQPGA(서열번호 1575), YYLSRTNGQAGSLTMSELGFSQVGA(서열번호 1576), YYLSRTNSTGGNQTTSQLLFSQLSA(서열번호 1577), YFLSRTNNNTGLNTNSTLNFSQGRA(서열번호 1578), SKTGADNNNSEYSWTG(서열번호 1579), SKTDADNNNSEYSWTG(서열번호 1580), SKTEADNNNSEYSWTG(서열번호 1581), SKTPADNNNSEYSWTG(서열번호 1582), SKTHADNNNSEYSWTG(서열번호 1583), SKTQADNNNSEYSWTG(서열번호 1584), SKTIADNNNSEYSWTG(서열번호 1585), SKTMADNNNSEYSWTG(서열번호 1586), SKTRADNNNSEYSWTG(서열번호 1587), SKTNADNNNSEYSWTG(서열번호 1588), SKTVGRNNNSEYSWTG(서열번호 1589), SKTADRNNNSEYSWTG(서열번호 1590), SKKLSQNNNSKYSWQG(서열번호 1591), SKPTTGNNNSDYSWPG(서열번호 1592), STQKNENNNSNYSWPG(서열번호 1593), HKDDEGKF(서열번호 1594), HKDDNRKF(서열번호 1595), HKDDTNKF(서열번호 1596), HEDSDKNF(서열번호 1597), HRDGADSF(서열번호 1598), HGDNKSRF(서열번호 1599), KQGSEKTNVDFEEV(서열번호 1600), KQGSEKTNVDSEEV(서열번호 1601), KQGSEKTNVDVEEV(서열번호 1602), KQGSDKTNVDDAGV(서열번호 1603), KQGSSKTNVDPREV(서열번호 1604), KQGSRKTNVDHKQV(서열번호 1605), KQGSKGGNVDTNRV(서열번호 1606), KQGSGEANVDNGDV(서열번호 1607), KQDAAADNIDYDHV(서열번호 1608), KQSGTRSNAAASSV(서열번호 1609), KENTNTNDTELTNV(서열번호 1610), QRGNNVAATADVNT(서열번호 1611), QRGNNEAATADVNT(서열번호 1612), QRGNNPAATADVNT(서열번호 1613), QRGNNHAATADVNT(서열번호 1614), QEENNIAATPGVNT(서열번호 1615), QPPNNMAATHEVNT(서열번호 1616), QHHNNSAATTIVNT(서열번호 1617), QTTNNRAAFNMVET(서열번호 1618), QKKNNNAASKKVAT(서열번호 1619), QGGNNKAADDAVKT(서열번호 1620), QAAKGGAADDAVKT(서열번호 1621), QDDRAAAANESVDT(서열번호 1622), QQQHDDAAYQRVHT(서열번호 1623), QSSSSLAAVSTVQT(서열번호 1624), QNNQTTAAIRNVTT(서열번호 1625), NYNKKSDNVDFT(서열번호 1626), NYNKKSENVDFT(서열번호 1627), NYNKKSLNVDFT(서열번호 1628), NYNKKSPNVDFT(서열번호 1629), NYSKKSHCVDFT(서열번호 1630), NYRKTIYVDFT(서열번호 1631), NYKEKKDVHFT(서열번호 1632), NYGHRAIVQFT(서열번호 1633), NYANHQFVVCT(서열번호 1634), NYDDDPTGVLLT(서열번호 1635), NYDDPTGVLLT(서열번호 1636), NFEQQNSVEWT(서열번호 1637), SQSGASN(서열번호 1638), NNGSQA(서열번호 1639), YYLSRTNTPSGTTTWSRLQFSQAGA(서열번호 1640), SKTSADNNNSEYSWTG(서열번호 1641), HKDDEEKF(서열번호 1642), KQGSEKTNVDIEEV(서열번호 1643), QRGNNQAATADVNT(서열번호 1644), NYNKKSVNVDFT(서열번호 1645), SQSGASNYNTPSGTTTQSRLQFSTSADNNNSEYSWTGATKYH(서열번호 1646), SASGASNFNSEGGSLTQSSLGFSTDGENNNSDFSWTGATKYH(서열번호 1647), SQSGASNYNTPSGTTTQSRLQFSTDGENNNSDFSWTGATKYH(서열번호 1648), SASGASNYNTPSGTTTQSRLQFSTSADNNNSEFSWPGATTYH(서열번호 1649), SQSGASNFNSEGGSLTQSSLGFSTDGENNNSDFSWTGATKYH(서열번호 1650), SASGASNYNTPSGSLTQSSLGFSTDGENNNSDFSWTGATKYH(서열번호 1651), SQSGASNYNTPSGTTTQSRLQFSTSADNNNSDFSWTGATKYH(서열번호 1652), SGAGASNFNSEGGSLTQSSLGFSTDGENNNSDFSWTGATKYH(서열번호 1653), SGAGASN(서열번호 1654), NSEGGSLTQSSLGFS(서열번호 1655), TDGENNNSDFS(서열번호 1656),

SEFSWPGATT(서열번호 1657), TSADNNNSDFSWT(서열번호 1658), SQSGASNY(서열번호 1659), NTPSGTTTQSRLQFS(서열번호 1660), TSADNNNSEYSWTGATKYH(서열번호 1661), SASGASNF(서열번호 1662), TDGENNNSDFSWTGATKYH(서열번호 1663), SASGASNY(서열번호 1664), TSADNNNSEFSWPGATTYH(서열번호 1665), NTPSGSLTQSSLGFS(서열번호 1666), TSADNNNSDFSWTGATKYH(서열번호 1667), SGAGASNF(서열번호 1668), CTCCAGVVSVVSMRSRVCVNSGCAGCTDHCVVSRNSGTCVMSACACAA(서열번호 1669), CTCCAGAGAGGCAACAGACAAGCAGCTACCGCAGATGTCAACACACAA(서열번호 1670), SAAGASN(서열번호 1671), YFLSRTNTESGSTTQSTLRFSQAG(서열번호 1672), SKTSADNNNSDFS(서열번호 1673), KQGSEKTDVDIDKV(서열번호 1674), STAGASN(서열번호 1675), YFLSRTNTTSGIETQSTLRFSQAG(서열번호 1676), SKTDGENNNSDFS(서열번호 1677), KQGAAADDVEIDGV(서열번호 1678), SEAGASN(서열번호 1679), YYLSRTNTPSGTTTQSRLQFSQAG(서열번호 1680), SKTSADNNNSEYS(서열번호 1681), KQGSEKTNVDIEKV(서열번호 1682), YFLSRTNDASGSDTKSTLLFSQAG(서열번호 1683), STTPSENNNSEYS(서열번호 1684), SAAGATN(서열번호 1685), YFLSRTNGEAGSATLSELRFSQAG(서열번호 1686), HGDDADRF(서열번호 1687), KQGAEKSDVEVDRV(서열번호 1688), KQDSGGDNIDIDQV(서열번호 1689), SDAGASN(서열번호 1690), YFLSRTNTEGGHDTQSTLRFSQAG(서열번호 1691), KEDGGGSDVAIDEV(서열번호 1692), SNAGASN(서열번호 1693) 및 YFLSRTNGEAGSATLSELRFSQPG(서열번호 1694)일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 아미노산 돌연변이 부위를 암호화할 수 있는 뉴클레오타이드 서열의 비제한적인 예는 다음 서열번호 1695, 서열번호 1696, 서열번호 1697, 서열번호 1698, 서열번호 1699, 서열번호 1700, 서열번호 1701, 서열번호 1702, 서열번호 1703, 서열번호 1704, 서열번호 1705, 서열번호 1706, 서열번호 1707, 서열번호 1708, 서열번호 1709, 서열번호 1710, AGCAGGAGCTCCTTGGCCTCAGCGTGCGAG(US20160369298의 서열번호 264; 본 명세서에서의 서열번호 1711), 서열번호 1712, 서열번호 1713, 서열번호 1714, 서열번호 1715, 서열번호 1716 및 서열번호 1717을 포함한다.

[0514] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 WO2016134375의 서열번호 9 및 서열번호 10과 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 WO2016134375에 기재된 바와 같은 안구 세포 표적화 펩타이드를 포함할 수 있다. 또한, WO2016134375에 기재되어 있는 임의의 안구 세포 표적화 펩타이드 또는 아미노산은 AAV2(WO2016134375의 서열번호 8; 본 명세서에서의 서열번호 1718) 또는 AAV9(WO2016134375의 서열번호 11; 본 명세서에서의 서열번호 1719)와 같으나 이에 제한되지 않는 임의의 모 AAV 혈청형에 삽입될 수 있다. 일부 실시형태에서, 삽입과 같은 변형은 AAV2 단백질의 P34-A35, T138-A139, A139-P140, G453-T454, N587-R588 및/또는 R588-Q589에서 이루어진다. 소정의 실시형태에서, 삽입은 AAV9의 D384, G385, 1560, T561, N562, E563, E564, E565, N704 및/또는 Y705에서 이루어진다. 안구 세포 표적화 펩타이드는 임의의 다음 아미노산 서열 GSTPPPM(WO2016134375의 서열번호 1; 본 명세서에서의 서열번호 1720) 또는 GETRAPL(WO2016134375의 서열번호 4; 본 명세서에서의 서열번호 1721)일 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0515] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 공개 US 20170145405에 기재되어 있는 바와 같이 변형될 수 있다. AAV 혈청형은 변형된 AAV2(예를 들어, Y444F, Y500F, Y730F 및/또는 S662V에서의 변형), 변형된 AAV3(예를 들어, Y705F, Y731F 및/또는 T492V에서의 변형) 및 변형된 AAV6(예를 들어, S663V 및/또는 T492V에서의 변형)을 포함할 수 있다.

[0516] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 WO2017083722에 기재되어 있는 바와 같이 변형될 수 있다. AAV 혈청형은 AAV1(Y705+731F+T492V), AAV2(Y444+500+730F+T491V), AAV3(Y705+731F), AAV5, AAV 5(Y436+693+719F), AAV6(VP3 변이체 Y705F/Y731F/T492V), AAV8(Y733F), AAV9, AAV9(VP3 변이체 Y731F) 및 AAV10(Y733F)을 포함할 수 있다.

[0517] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 WO2017015102에 기재된 바와 같이, 아미노산 SPAKFA(WO2017015102의 서열번호 24; 본 명세서에서의 서열번호 1722) 또는 NKDKLN(WO2017015102의 서열번호 2; 본 명세서에서의 서열번호 1723)을 포함하는 조작된 에피토프를 포함할 수 있다. 에피토프는 AAV8(WO2017015102의 서열번호 3)의 VP1 캡시드의 넘버링을 기준으로 665번 내지 670번 아미노산의 영역 및/또는 AAV3B(서열번호 3)의 664번 내지 668번 잔기에 삽입될 수 있다.

[0518] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 임의의 조합으로 AAV1의 262번 내지 268번, 370번 내지 379번, 451번 내지 459번, 472번 내지 473번, 493번 내지 500번, 528번 내지 534번, 547번 내지 552번, 588번 내지 597번, 709번 내지 710번, 716번 내지 722번 아미노산 잔기, 또는 AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV10, AAV11, AAV12, AAVrh8, AAVrh10, AAVrh32.33, 소 AAV 또는 조류 AAV의 동등한 아미노산 잔기 중 1개 이상(예를 들어, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개)에 치환을 포함할 수 있는 캡시드 단백질을 갖는 AAV 변이체와 같으나 이에 제한되지 않는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 WO2017058892에 기재되어

있는 바와 같은 서열일 수 있거나 또는 이를 가질 수 있다. 아미노산 치환은 WO2017058892에 기재되어 있는 바와 같은 임의의 아미노산 서열일 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 일부 실시형태에서, AAV는 임의의 조합으로 AAV1(WO2017058892 서열번호 1)의 잔기 256L, 258K, 259Q, 261S, 263A, 264S, 265T, 266G, 272H, 385S, 386Q, S472R, V473D, N500E 547S, 709A, 710N, 716D, 717N, 718N, 720L, A456T, Q457T, N458Q, K459S, T492S, K493A, S586R, S587G, S588N, T589R 및/또는 722T에, 임의의 조합으로 AAV5(WO2017058892의 서열번호 5)의 244N, 246Q, 248R, 249E, 250I, 251K, 252S, 253G, 254S, 255V, 256D, 263Y, 377E, 378N, 453L, 456R, 532Q, 533P, 535N, 536P, 537G, 538T, 539T, 540A, 541T, 542Y, 543L, 546N, 653V, 654P, 656S, 697Q, 698F, 704D, 705S, 706T, 707G, 708E, 709Y 및/또는 710R에, 임의의 조합으로 AAV5(WO2017058892의 서열번호 5)의 248R, 316V, 317Q, 318D, 319S, 443N, 530N, 531S, 532Q 533P, 534A, 535N, 540A, 541T, 542Y, 543L, 545G, 546N, 697Q, 704D, 706T, 708E, 709Y 및/또는 710R에, 임의의 조합으로 AAV6(WO2017058892의 서열번호 6)의 264S, 266G, 269N, 272H, 457Q, 588S 및/또는 589I에, 임의의 조합으로 AAV8(WO2017058892의 서열번호 8)의 457T, 459N, 496G, 499N, 500N, 589Q, 590N 및/또는 592A에, 임의의 조합으로 AAV9(WO2017058892의 서열번호 9)의 451I, 452N, 453G, 454S, 455G, 456Q, 457N 및/또는 458Q에 아미노산 치환을 포함할 수 있다.

[0519] 일부 실시형태에서, AAV는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO 2017066764호에 기재되어 있는 바와 같이 VP1의 155번, 156번 및 157번 위치 또는 VP2의 17번, 18번, 19번 및 20번 위치에 아미노산의 서열을 포함할 수 있다. 아미노산의 서열은 N-S-S, S-X-S, S-S-Y, N-X-S, N-S-Y, S-X-Y 및 N-X-Y일 수 있지만 이에 제한되지 않되, N, X 및 Y는 독립적으로 비-세린 또는 비-트레오닌 아미노산이지만 이에 제한되지 않고, AAV는 AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV10, AAV11 및 AAV12일 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 일부 실시형태에서, AAV는 VP1의 156번, 157번 또는 158번 위치 또는 VP2의 19번, 20번 또는 21번 위치에 적어도 하나의 아미노산의 결실을 포함할 수 있되, AAV는 AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV10, AAV11 및 AAV12일 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0520] 일부 실시형태에서, AAV는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Deverman *et al.*, (Nature Biotechnology 34(2):204-209 (2016)]에 기재되어 있는 바와 같은 Cre-재조합-기반 AAV 표적 진화(Cre-recombination-based AAV targeted evolution: CREATE)에 의해 생성된 혈청형일 수 있다. 일부 실시형태에서, 이러한 방식으로 생성된 AAV 혈청형은 다른 AAV 혈청형과 비교하여 개선된 CNS 형질도입 및/또는 뉴런 및 성상세포 친화성(tropism)을 갖는다. 비제한적인 예로서, AAV 혈청형은 PHP.B, PHP.B2, PHP.B3, PHP.A, PHP.S, G2A12, G2A15, G2A3, G2B4 및 G2B5와 같으나 이에 제한되지 않는 펩타이드를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 이들 AAV 혈청형은 아미노산 588번 내지 589번 아미노산 사이에 7-아미노산 삽입체를 갖는 AAV9(서열번호 11 또는 138) 유도체일 수 있다. 이들 7-아미노산 삽입체의 비제한적인 예는 TLAVPFK(PHP.B; 서열번호 1262), SVSKPFL(PHP.B2; 서열번호 1270), FTLTTPK(PHP.B3; 서열번호 1271), YTLSQGW(PHP.A; 서열번호 1277), QAVRTSL(PHP.S; 서열번호 1321), LAKERLS(G2A3; 서열번호 1322), MNSTKNV(G2B4; 서열번호 1323) 및/또는 VSGGHHS(G2B5; 서열번호 1324)를 포함한다.

[0521] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Jackson et al (Frontiers in Molecular Neuroscience 9:154 (2016)]에 기재되어 있는 바와 같을 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 PHP.B 또는 AAV9이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 보다 편재성인 프로모터(예를 들어, CBA 또는 CMV)가 사용되는 경우와 비교하여 시냅신 프로모터와 쌍을 이루어 신경 형질도입을 향상시킨다.

[0522] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAVPHP.N(PHP.N) 펩타이드 또는 이들의 변이체를 포함하는 혈청형이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAVPHP.B(PHP.B) 펩타이드 또는 이들의 변이체를 포함하는 혈청형이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 AAVPHP.A(PHP.A) 펩타이드 또는 이들의 변이체를 포함하는 혈청형이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 PHP.S 펩타이드 또는 이들의 변이체를 포함하는 혈청형이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 PHP.B2 펩타이드 또는 이들의 변이체를 포함하는 혈청형이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 PHP.B3 펩타이드 또는 이들의 변이체를 포함하는 혈청형이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 G2B4 펩타이드 또는 이들의 변이체를 포함하는 혈청형이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 G2B5 펩타이드 또는 이들의 변이체를 포함하는 혈청형이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 VOY101 또는 이들의 변이체이다. 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 VOY201 또는 이들의 변이체이다.

[0523] 일부 실시형태에서, AAV 입자, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질의 벡터화된 전달을 위한 AAV 입자의 AAV 혈청형은 AAV9 또는 이들의 변이체이다. 일부 실시형태에서, AAV 입자, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 재조합 AAV 입자는 AAV9 캡시드 단백질을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV9 캡시드 단백질은 서열번호 138의 아

미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV9 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산 서열은 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV9 캡시드 단백질은 서열번호 138과 적어도 70%, 예컨대, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 99% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV9 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산 서열은 서열번호 137과 적어도 70%, 예컨대, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 99% 이상 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0524] 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 11의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 11의 아미노산 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 포함하는 아미노산 서열을 포함하되, 단, 선택적으로 449번 위치는 K를 포함하지 않고, 예를 들어, R이다.

[0525] 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 1의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 1의 아미노산 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 포함하는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 2의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화된 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 2의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 서열을 포함한다.

[0526] 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질, 예를 들어, AAV9 캡시드 단백질은 서열번호 138의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 138의 아미노산 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 포함하는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화된 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 138에 따라 넘버링된 K449 위치에 치환, 예를 들어, K449R 치환을 포함한다.

[0527] 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체를 포함한다. 일부 실시형태에서, 삽입체는 서열번호 138에 따라 넘버링된 참조 서열에 대해 588번 위치 바로 뒤에 존재한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 138에 따라 넘버링된 A587D 및 Q588G의 아미노산 치환을 포함한다.

[0528] 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 138에 따라 넘버링된 K449R의 아미노산 치환; 및 TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체로서, 삽입체는 서열번호 138에 따라 넘버링된 참조 서열에 대해 588번 위치 바로 뒤에 존재하는, 상기 삽입체를 포함한다.

[0529] 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 138에 따라 넘버링된 K449R의 아미노산 치환; TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체로서, 삽입체는 서열번호 138에 따라 넘버링된 참조 서열에 대해 588번 위치 바로 뒤에 존재하는, 상기 삽입체; 및 서열번호 138에 따라 넘버링된 A587D 및 Q588G의 아미노산 치환을 포함한다.

[0530] 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체로서, 삽입체는 서열번호 138에 따라 넘버링된 참조 서열에 대해 588번 위치 바로 뒤에 존재하는, 상기 삽입체; 및 서열번호 138에 따라 넘버링된 A587D 및 Q588G의 아미노산 치환을 포함한다.

[0531] 일부 실시형태에서, AAV 입자, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 항체 분자(예를 들어, 항-베타-아밀로이드 항체 분자)의 벡터화된 전달을 위한 AAV 입자의 AAV 혈청형은 AAV9 K449R 또는 이들의 변이체이다. 일부 실시형태에

서, AAV 입자는 AAV9 K449 캡시드 단백질을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV9 K449R 캡시드 단백질은 서열번호 11의 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV9 K449R 캡시드 단백질은 서열번호 11과 적어도 70%, 예컨대, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 99% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함한다.

[0532] 일부 실시형태에서, AAV 입자, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질의 벡터화된 전달을 위한 AAV 입자의 AAV 캡시드는 정맥내 투여 후 혈액 뇌 장벽 침투를 가능하게 한다. 이러한 AAV 캡시드의 비제한적인 예는 AAV9, AAV9 K449R, VOY101, VOY201, 또는 AAVPHP.N(PHP.N), AAVPHP.B(PHP.B), PHP.S, G2A3, G2B4, G2B5, G2A12, G2A15, PHP.B2, PHP.B3, AAV2.BR1 또는 AAVPHP.A(PHP.A)와 같으나 이에 제한되지 않는 펩타이드 삽입체를 포함하는 AAV 캡시드를 포함한다.

[0533] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 중추신경계의 세포에 대한 친화성으로 인해 이에 대한 사용을 위해 선택된다. 일부 실시형태에서, 중추신경계의 세포는 뉴런이다. 또 다른 실시형태에서, 중추신경계의 세포는 성상세포이다.

[0534] 일부 실시형태에서, AAV 혈청형은 근육(들) 세포에 대한 친화성으로 인해 이에 대한 사용을 위해 선택된다.

[0535] 일부 실시형태에서, AAV VP1 캡시드 단백질의 번역을 위한 개시 코돈은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US8163543호에 기재되어 있는 바와 같이 CTG, TTG 또는 GTG일 수 있다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질, 예를 들어, VP1 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열에 비해 3개 내지 20개의 돌연변이(예를 들어, 치환), 예를 들어, 3개 내지 15개의 돌연변이, 3개 내지 10개의 돌연변이, 3개 내지 5개의 돌연변이, 5개 내지 20개의 돌연변이, 5개 내지 15개의 돌연변이, 5개 내지 10개의 돌연변이, 10개 내지 20개의 돌연변이, 10개 내지 15개의 돌연변이, 15개 내지 20개의 돌연변이, 3개의 돌연변이, 5개의 돌연변이, 10개의 돌연변이, 12개의 돌연변이, 15개의 돌연변이, 18개의 돌연변이 또는 20개의 돌연변이를 포함한다.

[0536] 본 개시내용은 캡시드(Cap) 유전자에 의해 암호화되는 구조 캡시드 단백질(VP1, VP2 및 VP3 포함)을 언급한다. 이러한 캡시드 단백질은 AAV와 같은 바이러스 벡터의 외부 단백질 구조 셸(즉, 캡시드)을 형성한다. Cap 폴리뉴클레오타이드로부터 합성된 VP 캡시드 단백질은 일반적으로 상응하는 Cap 뉴클레오타이드 서열에서 개시 코돈(AUG 또는 ATG)과 관련된 펩타이드 서열(Met1)의 첫 번째 아미노산으로서 메티오닌을 포함한다. 그러나, 첫 번째 메티오닌(Met1) 잔기 또는 일반적으로 임의의 첫 번째 아미노산(AA1)이 Met-아미노펩티데이스와 같은 단백질 처리 효소에 의해 폴리펩타이드 합성 후 또는 도중에 절단되는 것이 일반적이다. 이러한 "Met/AA-클리핑" 과정은 종종 폴리펩타이드 서열에서 두 번째 아미노산(예를 들어, 알라닌, 발린, 세린, 트레오닌 등)의 상응하는 아세틸화와 상관관계가 있다. Met-클리핑은 일반적으로 VP1 및 VP3 캡시드 단백질에서 발생하지만, VP2 캡시드 단백질에서도 발생할 수 있다.

[0537] Met/AA-클리핑이 불완전한 경우, 바이러스 캡시드를 포함하는 1개 이상(1개, 2개 또는 3개)의 VP 캡시드 단백질의 혼합물이 생성될 수 있으며, 그 중 일부는 Met1/AA1 아미노산(Met+/AA+)을 포함할 수 있고, 그 중 일부는 Met/AA-클리핑(Met-/AA-)의 결과로 Met1/AA1 아미노산이 결여될 수 있다. 캡시드 단백질에서의 Met/AA-클리핑에 대한 추가 논의는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 각각 원용되어 있는 문헌[Jin, *et al.* Direct Liquid Chromatography/Mass Spectrometry Analysis for Complete Characterization of Recombinant Adeno-Associated Virus Capsid Proteins. *Hum Gene Ther Methods*. 2017 Oct. 28(5):255-267; Hwang, *et al.* N-Terminal Acetylation of Cellular Proteins Creates Specific Degradation Signals. *Science*. 2010 February 19. 327(5968): 973-977]을 참조한다.

[0538] 본 개시내용에 따르면, 캡시드 단백질에 대한 언급은 클리핑되거나(Met-/AA-) 또는 클리핑되지 않은(Met+/AA+) 것으로 제한되지 않으며, 문맥상 독립적인 캡시드 단백질을 지칭할 수 있고, 바이러스 캡시드는 캡시드 단백질 및/또는 본 개시내용의 캡시드 단백질을 암호화하거나, 만들거나(describe), 생산하거나 또는 초래하는(result in) 폴리뉴클레오타이드 서열(또는 이들의 단편)의 혼합물로 구성된다. "캡시드 단백질" 또는 "캡시드 폴리펩타이드"(예컨대, VP1, VP2 또는 VP2)에 대한 직접적인 언급은 또한 Met1/AA1 아미노산(Met+/AA+)뿐만 아니라 Met/AA-클리핑(Met-/AA-)의 결과로 Met1/AA1 아미노산이 결여된 상응하는 VP 캡시드 단백질을 포함하는 VP 캡시드 단백질을 포함할 수 있다.

[0539] 또한, 본 개시내용에 따르면, Met1/AA1 아미노산(Met+/AA+)을 포함하는 하나 이상의 캡시드 단백질을 각각 포함하거나 또는 암호화하는 특정 "서열번호"(단백질이건 핵산이건 간에)에 대한 언급은 서열의 검토 시 Met1/AA1 아미노산이 결여되어 있는 VP 캡시드 단백질을 교시하는 것으로 이해되어야 하며, 첫 번째로 열거된 아미노산

(Met1/AA1 여부에 관계없이)이 단순히 결여된 임의의 서열은 쉽게 알 수 있다.

[0540] 비제한적인 예로서, 736개의 아미노산 길이이며 AUG/ATG 개시 코돈에 의해 암호화되는 "Met1" 아미노산(Met+)을 포함하는 VP1 폴리펩타이드 서열에 대한 언급은 또한 735개의 아미노산 길이이며 736개의 아미노산 Met+ 서열의 "Met1" 아미노산(Met-)을 포함하지 않는 VP1 폴리펩타이드 서열을 교시하는 것으로 이해될 수 있다. 두 번째 비제한적인 예로서, 736개의 아미노산 길이이며 임의의 NNN 개시 코돈에 의해 암호화되는 "AA1" 아미노산(AA1+)을 포함하는 VP1 폴리펩타이드 서열에 대한 언급은 또한 735개의 아미노산 길이이며 736개의 아미노산 AA1+ 서열의 "AA1" 아미노산(AA1-)을 포함하지 않는 VP1 폴리펩타이드 서열을 교시하는 것으로 이해될 수 있다.

[0541] VP 캡시드 단백질로부터 형성된 바이러스 캡시드에 대한 언급(예컨대, 특정 AAV 캡시드 혈청형에 대한 언급)은 Met1/AA1 아미노산(Met+/AA1+)을 포함하는 VP 캡시드 단백질, Met/AA1-클리핑(Met-/AA1-)의 결과로 Met1/AA1 아미노산이 결여된 상응하는 VP 캡시드 단백질 및 이들의 조합(Met+/AA1+ 및 Met-/AA1-)을 포함할 수 있다.

[0542] 비제한적인 예로서, AAV 캡시드 혈청형은 VP1(Met+/AA1+), VP1(Met-/AA1-) 또는 VP1(Met+/AA1+)과 VP1(Met-/AA1-)의 조합을 포함할 수 있다. AAV 캡시드 혈청형은 또한 VP3(Met+/AA1+), VP3(Met-/AA1-) 또는 VP3(Met+/AA1+)와 VP3(Met-/AA1-)의 조합을 포함할 수 있고; VP2(Met+/AA1)과 VP2(Met-/AA1-)의 유사한 선택적 조합을 포함할 수 있다.

[0543] *AAV 바이러스 게놈*

[0544] 일부 양태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈을 포함하는 발현 벡터의 역할을 한다. 바이러스 게놈은 GCase 단백질 및 증강체(향상), 예를 들어, 프로사포신(prosaposin: PSAP) 또는 삽소신(sapsosin: Sap) 폴리펩타이드 또는 이들의 기능적 변이체(예를 들어, SapA 단백질 또는 SapC 단백질), 세포 침투 펩타이드(예를 들어, ApoEII 펩타이드, TAT 펩타이드 또는 ApoB 펩타이드), 라이소솜 표적화 서열(LTS) 또는 이들의 조합을 암호화할 수 있다. 일부 실시형태에서, 발현 벡터는 AAV로 제한되지 않으며, 아데노바이러스, 레트로바이러스, 렌티바이러스, 플라스미드, 벡터 또는 임의의 이들의 변이체일 수 있다.

[0545] 일부 실시형태에서, AAV 입자, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질의 벡터화된 전달을 위한 AAV 입자는 바이러스 게놈, 예를 들어, AAV 바이러스 게놈(예를 들어, 벡터 게놈 또는 AAV 벡터 게놈)을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈, 예를 들어, AAV 바이러스 게놈은 역 말단 반복(ITR) 영역, 인핸서, 프로모터, 인트론 영역, 코작 서열, 엑손 영역, 강화 요소가 있거나 없는 페이로드(예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질)를 암호화하는 이식유전자를 암호화하는 핵산, miR 결합 부위(예를 들어, miR183 결합 부위)를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열, 폴리 A 신호 영역 또는 이들의 조합을 추가로 포함한다.

[0546] ***바이러스 게놈 성분: 역 말단 반복(ITR)***

[0547] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복(ITR) 영역을 포함할 수 있다. 본 개시내용의 AAV 입자는 적어도 하나의 ITR 영역 및 페이로드 영역을 갖는 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 2개의 ITR을 갖는다. 이 2개의 ITR은 5' 및 3' 말단에서 페이로드 영역의 측면에 있다. 일부 실시형태에서, ITR은 복제를 위한 인식 부위를 포함하는 복제 기점으로서 기능한다. 일부 실시형태에서, ITR은 상보적이고 대칭적으로 배열될 수 있는 서열 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈에 혼입된 ITR은 자연 발생적 폴리뉴클레오타이드 서열 또는 재조합적으로 유래된 폴리뉴클레오타이드 서열로 구성될 수 있다.

[0548] ITR은 표 1에 열거된 임의의 혈청형 또는 이들의 유도체로부터 선택되는 캡시드와 동일한 혈청형으로부터 유래될 수 있다. ITR은 캡시드와 상이한 혈청형일 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV 입자는 하나 초과의 ITR을 갖는다. 비제한적인 예에서, AAV 입자는 2개의 ITR을 포함하는 바이러스 게놈을 갖는다. 일부 실시형태에서, ITR은 서로 동일한 혈청형이다. 또 다른 실시형태에서, ITR은 상이한 혈청형이다. 비제한적인 예는 캡시드와 동일한 혈청형을 갖는 ITR 중 0개, 1개 또는 둘 다를 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 입자의 바이러스 게놈의 두 ITR은 AAV2 ITR이다.

[0549] 독립적으로, 각각의 ITR은 약 100개 내지 약 150개의 뉴클레오타이드 길이일 수 있다. 일부 실시형태에서, ITR은 100개 내지 180개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 약 100개 내지 115개, 약 100개 내지 120개, 약 100개 내지 130개, 약 100개 내지 140개, 약 100개 내지 150개, 약 100개 내지 160개, 약 100개 내지 170개, 약 100개 내지 180개, 약 110개 내지 120개, 약 110개 내지 130개, 약 110개 내지 140개, 약 110개 내지 150개, 약 110개 내지 160개, 약 110개 내지 170개, 약 110개 내지 180개, 약 120개 내지 130개, 약 120개 내지 140개, 약 120개 내지 150개, 약 120개 내지 160개, 약 120개 내지 170개, 약 120개 내지 180개, 약 130개 내지

140개, 약 130개 내지 150개, 약 130개 내지 160개, 약 130개 내지 170개, 약 130개 내지 180개, 약 140개 내지 150개, 약 140개 내지 160개, 약 140개 내지 170개, 약 140개 내지 180개, 약 150개 내지 160개, 약 150개 내지 170개, 약 150개 내지 180개, 약 160개 내지 170개, 약 160개 내지 180개 또는 약 170개 내지 180개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다. 일부 실시형태에서, ITR은 약 120개 내지 140개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 약 130개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다. 일부 실시형태에서, ITR은 140개 내지 142개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 141개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, ITR은 1205개 내지 135개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 130개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다. ITR 길이의 비제한적인 예는 102개, 130개, 140개, 141개, 142개, 145개의 뉴클레오타이드 길이 및 이와 적어도 95%의 동일성을 갖는 것이다.

[0550] 일부 실시형태에서, 각각의 ITR은 141개의 뉴클레오타이드 길이일 수 있다. 일부 실시형태에서, 각각의 ITR은 130개의 뉴클레오타이드 길이일 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV 입자는 2개의 ITR을 포함하며, 하나의 ITR은 141개의 뉴클레오타이드 길이이고 다른 ITR은 130개의 뉴클레오타이드 길이이다.

[0551] 일부 실시형태에서, ITR은 서열번호 1829, 1830 또는 1862 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100% 동일함) 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, ITR은 임의의 서열번호 1860, 1861, 1863 또는 1864의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1860, 1861, 1863 또는 1864에 비해 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0552] ***바이러스 게놈 성분: 프로모터 및 발현 인핸서***

[0553] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈의 페이로드 영역은 이식유전자 표적 특이성 및 발현을 향상시키기 위한 적어도 하나의 요소를 포함한다. 예를 들어, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Powell *et al.* Viral Expression Cassette Elements to Enhance Transgene Target Specificity and Expression in Gene Therapy, 2015]을 참조한다. 이식유전자 표적 특이성 및 발현을 향상시키는 요소의 비제한적인 예는 프로모터, 내인성 miRNA, 전사 후 조절 요소(PRE), 폴리아데닐화(폴리A) 신호 서열, 상류 인핸서(USE), CMV 인핸서 및 인트론을 포함한다.

[0554] 일부 실시형태에서, 표적 세포에서의 폴리펩타이드의 발현은 종 특이적, 유도성, 조직-특이적 또는 세포 주기-특이적(Parr *et al.*, *Nat. Med.*3:1145-9 (1997); 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있음)인 프로모터를 포함하지만 이에 제한되지 않는 특이적 프로모터에 의해 구동될 수 있다.

[0555] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은, 예를 들어, 표적 세포에서 이식유전자에 의해 암호화된 페이로드(예를 들어, GBA 단백질)의 발현에 충분한 것을 포함한다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 AAV 입자의 바이러스 게놈의 페이로드 영역에서 암호화된 폴리펩타이드(들)의 발현을 구동할 때 효율적인 것으로 간주된다.

[0556] 일부 실시형태에서, 프로모터는 표적화되는 세포 또는 조직에서 발현을 구동할 때 효율적인 것으로 간주되는 프로모터이다.

[0557] 일부 실시형태에서, 프로모터는 표적화된 조직에서 일정 기간 동안 GCase, GCase 및 SapA 또는 GCase 및 SapC 단백질(들)의 발현을 구동한다. 프로모터에 의해 구동되는 발현은 1시간, 2시간, 3시간, 4시간, 5시간, 6시간, 7시간, 8시간, 9시간, 10시간, 11시간, 12시간, 13시간, 14시간, 15시간, 16시간, 17시간, 18시간, 19시간, 20시간, 21시간, 22시간, 23시간, 1일, 2일, 3일, 4일, 5일, 6일, 1주, 8일, 9일, 10일, 11일, 12일, 13일, 2주, 15일, 16일, 17일, 18일, 19일, 20일, 3주, 22일, 23일, 24일, 25일, 26일, 27일, 28일, 29일, 30일, 31일, 1개월, 2개월, 3개월, 4개월, 5개월, 6개월, 7개월, 8개월, 9개월, 10개월, 11개월, 1년, 13개월, 14개월, 15개월, 16개월, 17개월, 18개월, 19개월, 20개월, 21개월, 22개월, 23개월, 2년, 3년, 4년, 5년, 6년, 7년, 8년, 9년, 10년 또는 10년 초과의 기간 동안일 수 있다. 발현은 1시간 내지 5시간, 1시간 내지 12시간, 1일 내지 2일, 1일 내지 5일, 1주 내지 2주, 1주 내지 3주, 1주 내지 4주, 1개월 내지 2개월, 1개월 내지 4개월, 1개월 내지 6개월, 2개월 내지 6개월, 3개월 내지 6개월, 3개월 내지 9개월, 4개월 내지 8개월, 6개월 내지 12개월, 1년 내지 2년, 1년 내지 5년, 2년 내지 5년, 3년 내지 6년, 3년 내지 8년, 4년 내지 8년 또는 5년 내지 10년 동안일 수 있다.

[0558] 일부 실시형태에서, 프로모터는 적어도 1개월, 2개월, 3개월, 4개월, 5개월, 6개월, 7개월, 8개월, 9개월, 10개월, 11개월, 1년, 2년, 3년 4년, 5년, 6년, 7년, 8년, 9년, 10년, 11년, 12년, 13년, 14년, 15년, 16년, 17년, 18년, 19년, 20년, 21년, 22년, 23년, 24년, 25년, 26년, 27년, 28년, 29년, 30년, 31년, 32년, 33년, 34년, 35년, 36년, 37년, 38년, 39년, 40년, 41년, 42년, 43년, 44년, 45년, 46년, 47년, 48년, 49년, 50년, 55년,

60년, 65년 또는 65년 초과 동안 폴리펩타이드(예를 들어, GCase 폴리펩타이드, GCase 폴리펩타이드 및 프로사포신(PSAP) 폴리펩타이드, GCase 폴리펩타이드 및 SapA 폴리펩타이드, GCase 폴리펩타이드 및 SapC 폴리펩타이드, GCase 폴리펩타이드 및 세포 침투 펩타이드(예를 들어, ApoEII 펩타이드, TAT 펩타이드 및/또는 ApoB 펩타이드) 또는 GCase 폴리펩타이드 및 라이소솜 표적화 펩타이드)의 발현을 구동한다.

[0559] 프로모터는 자연 발생적이거나 또는 자연 발생적이지 않을 수 있다. 프로모터의 비제한적인 예는 바이러스 프로모터, 식물 프로모터 및 포유동물 프로모터를 포함한다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 인간 프로모터일 수 있다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 절단될 수 있다.

[0560] 일부 실시형태에서, 바이러스 하나 이상, 예를 들어, 다수의 세포 및/또는 조직에서 발현을 초래하는 프로모터, 예를 들어, 유비퀴터스 프로모터를 포함한다. 일부 실시형태에서, 대부분의 포유동물 조직에서 발현을 구동하거나 또는 촉진하는 프로모터는 인간 신장 인자 1α-서브유닛(EF1α), 사이토메갈로바이러스(CMV) 급초기 인핸서 및/또는 프로모터, 닭 β-액틴(CBA) 및 이의 유도체 CAG, β 글루쿠로니데이스(GUSB) 및 유비퀴틴 C(UBC)를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. CNS-특이적 프로모터, B 세포 프로모터, 단핵구 프로모터, 백혈구 프로모터, 대식세포 프로모터, 췌장 선포세포 프로모터, 내피 세포 프로모터, 폐 조직 프로모터, 성상세포 프로모터 또는, 예를 들어, 뉴런, 성상세포 또는 희소돌기아교세포에 대한 발현을 제한하는 데 사용될 수 있는 다양한 특정 신경계 세포-유형 또는 조직-유형 프로모터와 같으나 이에 제한되지 않는 조직-특이적 발현 요소가 소정의 세포 유형에 대한 발현을 제한하는 데 사용될 수 있다.

[0561] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 신경계 특이적 프로모터, 예를 들어, 뉴런, 성상세포 및/또는 희소돌기아교세포에서 페이로드의 발현을 초래하는 프로모터를 포함한다. 뉴런에 대한 조직-특이적 발현 요소의 비제한적인 예는 뉴런-특이적 에놀레이스(NSE), 혈소판-유래 성장 인자(PDGF), 혈소판-유래 성장 인자 B-사슬(PDGF-β), 시냅신(Syn), 시냅신 1(Syn1), 메틸-CpG 결합 단백질 2(MeCP2), Ca^{2+}/칼모듈린-의존성 단백질 카이네이스 II(CaMKII), 대사성 글루타메이트 수용체 2(mGluR2), 신경미세섬유 경쇄(NFL) 또는 중쇄(NFH), β-글로빈 미니 유전자 nβ2, 프리프로엔케팔린(PPE), 엔케팔린(Enk) 및 흥분성 아미노산 수송체 2(EAAT2) 프로모터를 포함한다. 성상세포에 대한 조직-특이적 발현 요소의 비제한적인 예는 신경교 섬유질 산성 단백질(GFAP) 및 EAAT2 프로모터를 포함한다. 희소돌기아교세포에 대한 조직-특이적 발현 요소의 비제한적인 예는 마이엘린 염기성 단백질(MBP) 프로모터를 포함한다. 프리온 프로모터는 CNS 조직에서 단백질 발현을 구동하는 데 유용한 추가적인 조직 특이적 프로모터를 나타낸다(개시내용 전체가 참조에 의해 원용되어 있는 문헌[Loftus, Stacie K., *et al.* Human molecular genetics 11.24 (2002): 3107-3114] 참조).

[0562] 일부 실시형태에서, 프로모터는 1kb 미만일 수 있다. 프로모터는 200개, 210개, 220개, 230개, 240개, 250개, 260개, 270개, 280개, 290개, 300개, 310개, 320개, 330개, 340개, 350개, 360개, 370개, 380개, 390개, 400개, 410개, 420개, 430개, 440개, 450개, 460개, 470개, 480개, 490개, 500개, 510개, 520개, 530개, 540개, 550개, 560개, 570개, 580개, 590개, 600개, 610개, 620개, 630개, 640개, 650개, 660개, 670개, 680개, 690개, 700개, 710개, 720개, 730개, 740개, 750개, 760개, 770개, 780개, 790개, 800개 또는 800개 이상의 뉴클레오타이드 길이를 가질 수 있다. 프로모터는 200개 내지 300개, 200개 내지 400개, 200개 내지 500개, 200개 내지 600개, 200개 내지 700개, 200개 내지 800개, 300개 내지 400개, 300개 내지 500개, 300개 내지 600개, 300개 내지 700개, 300개 내지 800개, 400개 내지 500개, 400개 내지 600개, 400개 내지 700개, 400개 내지 800개, 500개 내지 600개, 500개 내지 700개, 500개 내지 800개, 600개 내지 700개, 600개 내지 800개 또는 700개 내지 800개 사이의 뉴클레오타이드 길이를 가질 수 있다.

[0563] 일부 실시형태에서, 프로모터는 CMV 및 CBA와 같으나 이에 제한되지 않는 동일하거나 또는 상이한 출발 또는 모 프로모터의 2개 이상의 성분의 조합일 수 있다. 각 성분은 200개, 210개, 220개, 230개, 240개, 250개, 260개, 270개, 280개, 290개, 300개, 310개, 320개, 330개, 340개, 350개, 360개, 370개, 380개, 381개, 382개, 383개, 384개, 385개, 386개, 387개, 388개, 389개, 390개, 400개, 410개, 420개, 430개, 440개, 450개, 460개, 470개, 480개, 490개, 500개, 510개, 520개, 530개, 540개, 550개, 560개, 570개, 580개, 590개, 600개, 610개, 620개, 630개, 640개, 650개, 660개, 670개, 680개, 690개, 700개, 710개, 720개, 730개, 740개, 750개, 760개, 770개, 780개, 790개, 800개 또는 800개 초과의 뉴클레오타이드 길이를 가질 수 있다. 각 성분은 200개 내지 300개, 200개 내지 400개, 200개 내지 500개, 200개 내지 600개, 200개 내지 700개, 200개 내지 800개, 300개 내지 400개, 300개 내지 500개, 300개 내지 600개, 300개 내지 700개, 300개 내지 800개, 400개 내지 500개, 400개 내지 600개, 400개 내지 700개, 400개 내지 800개, 500개 내지 600개, 500개 내지 700개, 500개 내지 800개, 600개 내지 700개, 600개 내지 800개 또는 700개 내지 800개의 뉴클레오타이드

사이의 길이를 가질 수 있다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 382개 뉴클레오타이드 CMV-인핸서 서열과 260개 뉴클레오타이드의 CBA-프로모터 서열의 조합이다.

[0564] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 유비쿼터스 프로모터를 포함한다. 유비쿼터스 프로모터의 비제한적인 예는 CMV, CBA(유도체 CAG, CB6, CBh 등을 포함), EF-1α, PGK, UBC, GUSB(hGBp) 및 UCOE(HNRPA2B1-CBX3의 프로모터)를 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 EF-1α 프로모터 또는 EF-1α 프로모터 변이체를 포함한다.

[0565] 일부 실시형태에서, 프로모터는 각각 전체가 참조에 의해 원용되어 있는 문헌[Yu et al. (Molecular Pain 2011, 7:63), Soderblom et al. (E. Neuro 2015), Gill et al., (Gene Therapy 2001, Vol. 8, 1539-1546), 및 Husain et al. (Gene Therapy 2009)]에 기재되어 있는 바와 같은 유비쿼터스 프로모터이다.

[0566] 일부 실시형태에서, 프로모터는 세포 특이적이지 않다.

[0567] 일부 실시형태에서, 프로모터는 유비퀴틴 c(UBC) 프로모터이다. UBC 프로모터는 300개 내지 350개의 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, UBC 프로모터는 332개의 뉴클레오타이드이다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 β-글루쿠로니데이스(GUSB) 프로모터이다. GUSB 프로모터는 350개 내지 400개의 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, GUSB 프로모터는 378개의 뉴클레오타이드이다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 신경미세섬유 경쇄(NFL) 프로모터이다. NFL 프로모터는 600개 내지 700개의 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, NFL 프로모터는 650개의 뉴클레오타이드이다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 신경미세섬유 중쇄(NFH) 프로모터이다. NFH 프로모터는 900개 내지 950개의 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, NFH 프로모터는 920개의 뉴클레오타이드이다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 scn8a 프로모터이다. scn8a 프로모터는 450개 내지 500개의 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, scn8a 프로모터는 470개의 뉴클레오타이드이다.

[0568] 일부 실시형태에서, 프로모터는 포스포글리세레이트 카이네이스 1(phosphoglycerate kinase 1: PGK) 프로모터이다.

[0569] 일부 실시형태에서, 프로모터는 닭 β-액틴(CBA) 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체이다.

[0570] 일부 실시형태에서, 프로모터는 CB6 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체이다.

[0571] 일부 실시형태에서, 프로모터는 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체이다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 최소 CB 프로모터 또는 이의 기능적 변이체이다.

[0572] 일부 실시형태에서, 프로모터는 CBA 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체이다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 최소 CBA 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체이다.

[0573] 일부 실시형태에서, 프로모터는 사이토메갈로바이러스(CMV) 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체이다.

[0574] 일부 실시형태에서, 프로모터는 CAG 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체이다.

[0575] 일부 실시형태에서, 프로모터는 EF1α 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체이다.

[0576] 일부 실시형태에서, 프로모터는 성상세포에서 GCase 폴리펩타이드 또는 GCase 폴리펩타이드 및 강화 요소(예를 들어, GCase 및 SapA 또는 GCase 및 SapC 단백질 발현)의 발현을 구동하기 위한 GFAP 프로모터(예를 들어, 개시 내용 전체가 참조에 의해 원용되어 있는 문헌[Zhang, Min, *et al.* Journal of neuroscience research 86.13 (2008): 2848-2856]에 개시되어 있는 바와 같음)이다.

[0577] 일부 실시형태에서, 프로모터는 시냅신 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체이다.

[0578] 일부 실시형태에서, 프로모터는 RNA pol III 프로모터이다. 비제한적인 예로서, RNA pol III 프로모터는 U6이다. 비제한적인 예로서, RNA pol III 프로모터는 H1이다.

[0579] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 2개의 프로모터를 포함한다. 비제한적인 예로서, 프로모터는 EF1α 프로모터 및 CMV 프로모터이다.

[0580] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 인핸서 요소, 프로모터 및/또는 5'UTR 인트론을 포함한다. 본 명세서에서 "인핸서"로도 지칭되는 인핸서 요소는 CMV 인핸서일 수 있지만 이에 제한되지 않고, 프로모터는 CMV, CBA, UBC, GUSB, NSE, 시냅신, MeCP2 및 GFAP 프로모터일 수 있지만 이에 제한되지 않고, 5'UTR/인트론은 SV40 및 CBA-MVM일 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 비제한적인 예로서, 조합으로 사용되는 인핸서, 프로모터 및/또는 인트

론은 (1) CMV 인핸서, CMV 프로모터, SV40 5'UTR 인트론; (2) CMV 인핸서, CBA 프로모터, SV 40 5'UTR 인트론; (3) CMV 인핸서, CBA 프로모터, CBA-MVM 5'UTR 인트론; (4) UBC 프로모터; (5) GUSB 프로모터; (6) NSE 프로모터; (7) 시냅신 프로모터; (8) MeCP2 프로모터; 및 (9) GFAP 프로모터일 수 있다.

[0581] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 인핸서를 포함한다. 일부 실시형태에서, 인핸서는 CMVie 인핸서를 포함한다.

[0582] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 CMVie 인핸서 및 CB 프로모터를 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 CMVie 인핸서 및 CMV 프로모터(예를 들어, CMV 프로모터 영역)를 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 CMVie 인핸서, CBA 프로모터 또는 이들의 기능적 변이체 및 인트론(예를 들어, CAG 프로모터)을 포함한다.

[0583] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 조작된 프로모터를 포함한다. 또 다른 실시형태에서, 바이러스 게놈은 자연적으로 발현된 단백질로부터의 프로모터를 포함한다.

[0584] 일부 실시형태에서, CBA 프로모터는 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 바이러스 게놈, 예를 들어, GCase 단백질 또는 GCase 단백질 및 강화 요소(예를 들어, GCase 및 SapA 단백질, GCase 및 SapC 단백질 또는 GCase 단백질 및 세포 침투 펩타이드 또는 이들의 변이체)를 암호화하는 바이러스 게놈에 사용된다. 일부 실시형태에서, CBA 프로모터는 GCase 폴리펩타이드 또는 GCase 폴리펩타이드 및 본 명세서에 기재된 강화 요소(예를 들어, 프로사포신 또는 사포신 단백질 또는 이들의 변이체; 세포 침투 펩타이드 또는 이들의 변이체; 또는 라이소솜 표적화 신호)의 최적의 발현을 위해 조작된다.

[0585] ***바이러스 게놈 성분: 인트론***

[0586] 일부 실시형태에서, 벡터 게놈은 적어도 하나의 인트론 또는 이의 단편 또는 유도체를 포함한다. 일부 실시형태에서, 적어도 하나의 인트론은 GCase 단백질 및/또는 본 명세서에 기재된 강화 요소(예를 들어, 프로사포신 단백질 또는 SapC 단백질 또는 이들의 변이체; 세포 침투 펩타이드(예를 들어, ApoEII 펩타이드, TAT 펩타이드 또는 ApoB 펩타이드) 또는 이들의 변이체; 및/또는 라이소솜 표적화 신호)의 발현을 향상시킬 수 있다(예를 들어, 문헌[Powell *et al.* Viral Expression Cassette Elements to Enhance Transgene Target Specificity and Expression in Gene Therapy, 2015] 참조; 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있음). 인트론의 비제한적인 예는 MVM(67bp 내지 97bp), F.IX 절단된 인트론 1(300bp), β-글로빈 SD/면역글로불린 중쇄 스플라이스 수용체(acceptor)(250bp), 아데노바이러스 스플라이스 공여체(donor)/면역글로빈 스플라이스 수용체(500bp), SV40 후기 스플라이스 공여체/스플라이스 수용체(19S/16S)(180bp) 및 하이브리드 아데노바이러스 스플라이스 공여체/IgG 스플라이스 수용체(230bp)를 포함한다.

[0587] 일부 실시형태에서, 인트론은 100개 내지 500개의 뉴클레오타이드 길이일 수 있다. 인트론은 80개, 90개, 100개, 110개, 120개, 130개, 140개, 150개, 160개, 170개, 171개, 172개, 173개, 174개, 175개, 176개, 177개, 178개, 179개, 180개, 190개, 200개, 210개, 220개, 230개, 240개, 250개, 260개, 270개, 280개, 290개, 300개, 310개, 320개, 330개, 340개, 350개, 360개, 370개, 380개, 390개, 400개, 410개, 420개, 430개, 440개, 450개, 460개, 470개, 480개, 490개 또는 500개의 뉴클레오타이드 길이를 가질 수 있다. 인트론은 80개 내지 100개, 80개 내지 120개, 80개 내지 140개, 80개 내지 160개, 80개 내지 180개, 80개 내지 200개, 80개 내지 250개, 80개 내지 300개, 80개 내지 350개, 80개 내지 400개, 80개 내지 450개, 80개 내지 500개, 200개 내지 300개, 200개 내지 400개, 200개 내지 500개, 300개 내지 400개, 300개 내지 500 또는 400개 내지 500개 사이의 뉴클레오타이드 길이를 가질 수 있다.

[0588] 일부 실시형태에서, AAV 벡터는 SV40 인트론, 또는 이의 단편 또는 변이체를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 CMV 프로모터일 수 있다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 CBA일 수 있다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 H1일 수 있다.

[0589] 일부 실시형태에서, AAV 벡터는 베타-글로빈 인트론, 또는 이의 단편 또는 변이체를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 인트론은 하나 이상의 인간 베타-글로빈 서열(예를 들어, 이의 단편/변이체 포함)을 포함한다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 CB 프로모터일 수 있다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 CMV 프로모터를 포함한다. 일부 실시형태에서, 프로모터는 최소 CBA 프로모터를 포함한다.

[0590] 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질(들)은 SV40 인트론 또는 베타 글로빈 인트론 또는 당업계에 공지된 다른 것들과 같으나 이에 제한되지 않는 발현 벡터의 인트론의 하류에 위치할 수 있다. 또한, 암호화된 GBA 단백질은 또한 발현 벡터의 폴리아데닐화 서열의 상류에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질은 발현 벡

터에서 인트론을 포함하는 프로모터로부터 하류(예를 들어, 인트론을 포함하는 프로모터에 대해 3') 및/또는 폴리아데닐화 서열의 상류(예를 들어, 폴리아데닐화 서열에 대해 5')로부터 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 21개, 22개, 23개, 24개, 25개, 26개, 27개, 28개, 29개, 30개 또는 30개 초과의 뉴클레오타이드 내에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 암호화된 GBA 단백질은 발현 벡터에서 인트론으로부터 하류(예를 들어, 인트론에 대해 3') 및/또는 폴리아데닐화 서열의 상류(예를 들어, 폴리아데닐화 서열에 대해 5')로부터 1개 내지 5개, 1개 내지 10개, 1개 내지 15개, 1개 내지 20개, 1개 내지 25개, 1개 내지 30개, 5개 내지 10개, 5개 내지 15개, 5개 내지 20개, 5개 내지 25개, 5개 내지 30개, 10 내지 15개, 10개 내지 20개, 10개 내지 25개, 10개 내지 30개, 15개 내지 20개, 15개 내지 25개, 15개 내지 30개, 20개 내지 25개, 20개 내지 30개 또는 25개 내지 30개의 뉴클레오타이드 내에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질은 발현 벡터에서 인트론으로부터 하류(예를 들어, 인트론에 대해 3') 및/또는 폴리아데닐화 서열의 상류(예를 들어, 폴리아데닐화 서열에 대해 5')로부터 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오타이드 내에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질은 발현 벡터에서 인트론으로부터 하류(예를 들어, 인트론에 대해 3') 및/또는 폴리아데닐화 서열의 상류(예를 들어, 폴리아데닐화 서열에 대해 5')로부터 처음 1% 내지 5%, 1% 내지 10%, 1% 내지 15%, 1% 내지 20%, 1% 내지 25%, 5% 내지 10%, 5% 내지 15%, 5% 내지 20%, 5% 내지 25%, 10% 내지 15%, 10% 내지 20%, 10% 내지 25%, 15% 내지 20%, 15% 내지 25% 또는 20% 내지 25%의 서열 내에 위치할 수 있다.

[0591] 소정의 실시형태에서, 인트론 서열은 인핸서 서열이 아니다. 일부 실시형태에서, 인트론 서열은 프로모터 서열의 하위 구성요소가 아니다. 일부 실시형태에서, 인트론 서열은 프로모터 서열의 하위 구성요소이다.

[0592] ***바이러스 게놈 성분: 비번역 영역(UTR)***

[0593] 일부 실시형태에서, 유전자의 야생형 비번역 영역(untranslated region: UTR)은 전사되지만 번역되지는 않는다. 일반적으로, 5' UTR은 전사 시작 부위에서 시작하여 개시 코돈에서 끝나고, 3' UTR은 종결 코돈 바로 다음에서 시작하여 전사 종료 신호까지 계속된다.

[0594] 특정 표적 기관의 풍부하게 발현된 유전자에서 전형적으로 발견되는 특징은 안정성 및 단백질 생산을 향상시키기 위해 UTR로 조작될 수 있다. 비제한적인 예로서, 간에서 정상적으로 발현되는 mRNA로부터의 5' UTR(예를 들어, 알부민, 혈청 아밀로이드 A, 아포지단백질 A/B/E, 트랜스페린, 알파 태아단백질, 에리트로포이에틴 또는 인자 VIII)은 간 세포주 또는 간에서 발현을 향상시키기 위해 본 개시내용의 AAV 입자의 바이러스 게놈에 사용될 수 있다.

[0595] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 이식유전자(예를 들어, GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자)를 암호화하는 바이러스 게놈은 코작 서열을 포함한다. 이론에 얽매이지 않고, 야생형 5' 비번역 영역(UTR)은 번역 개시에서 역할을 하는 특징으로 포함한다. 리보솜이 많은 유전자의 번역을 개시하는 과정에 관여하는 것으로 일반적으로 알려진 코작 서열은 일반적으로 5' UTR에 포함된다. 코작 서열은 컨센서스 CCR(A/G)CCAUGG를 가지며, 여기서 R은 개시 코돈(ATG)의 3개 염기 상류에 있는 퓨린(아데닌 또는 구아닌)이며, 이어서 또 다른 'G'가 온다.

[0596] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈의 5'UTR은 코작 서열을 포함한다.

[0597] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈의 5'UTR 코작 서열을 포함하지 않는다.

[0598] 이론에 얽매이지 않고, 야생형 3' UTR은 아데노신 및 우리딘의 신장부(stretch)가 내장되어 있는 것으로 알려져 있다. 이러한 AU가 풍부한 시그니처는 전환 속도가 높은 유전자에 특히 널리 퍼져 있다. 이들의 서열 특징 및 기능적 특성에 기초하여, AU 풍부 요소(AU rich element: ARE)는 3개의 클래스로 나뉠 수 있다(Chen et al, 1995, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있음): c-Myc 및 MyoD와 같으나 이에 제한되지 않는 클래스 I ARE는 U-풍부 영역 내에 AUUUA 모티프의 여러 분산된 카피를 포함한다. GM-CSF 및 TNF-a와 같으나 이에 제한되지 않는 클래스 II ARE는 2개 이상의 중첩 UUAUUUA(U/A)(U/A) 9량체를 보유한다. c-Jun 및 미오게닌과 같으나 이에 제한되지 않는 클래스 III ARE는 덜 정의되어 있다. 이러한 U 풍부 영역은 AUUUA 모티프를 포함하지 않는다. ARE에 결합하는 대부분의 단백질은 메신저를 불안정하게 하는 것으로 알려져 있는 반면, ELAV 패밀리의 구성원, 특히 HuR은 mRNA의 안정성을 증가시키는 것으로 기록되었다. HuR 3개의 모든 클래스의 ARE에 결합한다. HuR 특이적 결합 부위를 핵산 분자의 3' UTR로 조작하면 HuR 결합이 일어나 생체내 메시지의 안정화로 이어질 것이다.

[0599] 3' UTR AU 풍부 요소(ARE)의 도입, 제거 또는 변형은 폴리뉴클레오타이드의 안정성을 조절하는 데 사용될 수 있다. 특정 폴리뉴클레오타이드, 예를 들어, 바이러스 게놈의 페이로드 영역을 조작할 때, ARE의 하나 이상의 카

피가 도입되어 폴리뉴클레오타이드를 덜 안정하게 만들고, 이에 의해 번역을 줄이고 그 결과 생성되는 단백질의 생산을 감소시킬 수 있다. 마찬가지로, ARE를 확인하고 제거하거나 또는 돌연변이시켜 세포내 안정성을 증가시킴으로써 그 결과 생성되는 단백질의 번역 및 생산을 증가시킬 수 있다.

[0600] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈의 3' UTR은 폴리-A 꼬리의 주형 추가를 위한 올리고(dT) 서열을 포함할 수 있다.

[0601] 당업계에 공지된 임의의 유전자로부터의 임의의 UTR은 AAV 입자의 바이러스 게놈에 혼입될 수 있다. 이러한 UTR 또는 이의 일부는 선택된 유전자에서와 동일한 배향으로 배치될 수 있거나 또는 배향 또는 위치가 변경될 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV 입자의 바이러스 게놈에 사용되는 UTR은 반전되거나, 단축되거나, 연장되거나 또는 당업계에 공지된 하나 이상의 다른 5' UTR 또는 3' UTR로 만들어질 수 있다. 본 명세서에서 사용되는 용어 "변경된"은 UTR과 관련하여 UTR이 참조 서열과 관련하여 어떤 방식으로 변경되었음을 의미한다. 예를 들어, 3' UTR 또는 5' UTR은 위에 교시된 바와 같은 배향 또는 위치의 변화에 의해 야생형 또는 천연 UTR에 비해 변경될 수 있거나, 또는 추가적인 뉴클레오타이드의 포함, 뉴클레오타이드의 결실, 뉴클레오타이드의 스와핑 또는 전위에 의해 변경될 수 있다.

[0602] 일부 실시형태에서, AAV 입자의 바이러스 게놈은 야생형 UTR의 변이체가 아닌 적어도 하나의 인공 UTR을 포함한다.

[0603] 일부 실시형태에서, AAV 입자의 바이러스 게놈은 단백질이 공통 기능, 구조, 특징 또는 특성을 공유하는 전사체의 패밀리로부터 선택된 UTR을 포함한다.

[0604] ***바이러스 게놈 성분: miR 결합 부위***

[0605] 본 발명의 AAV 바이러스 입자의 조직-특이적 또는 세포-특이적 발현은 조직-특이적 또는 세포-특이적 조절 서열, 예를 들어, 프로모터, 인핸서, 마이크로RNA 결합 부위, 예를 들어, 탈표적화 부위를 도입함으로써 향상될 수 있다. 이론에 얽매이지 않고, 암호화된 miR 결합 부위는 조직 또는 세포, 예를 들어, 비-표적화 세포 또는 조직에서 상응하는 내인성 마이크로RNA(miRNA) 또는 상응하는 제어된 외인성 miRNA의 발현에 기초하여 본 발명의 바이러스 게놈 상의 관심 유전자의 발현을 조절, 예를 들어, 방지, 억제 또는 그렇지 않으면 저해할 수 있는 것으로 여겨진다. 일부 실시형태에서, miR 결합 부위는 상응하는 mRNA가 발현되는 세포 또는 조직에서 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 바이러스 게놈에 의해 암호화된 페이로드의 발현을 조절, 예를 들어, 감소시킨다. 일부 실시형태에서, miR 결합 부위는 DRG, 간, 조혈 계통 또는 이들의 조합의 세포 또는 조직에서 암호화된 GBA 단백질의 발현을 조절, 예를 들어, 감소시킨다.

[0606] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 바이러스 게놈은 마이크로RNA 결합 부위, 예를 들어, 탈표적화 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 바이러스 게놈은 miR 결합 부위, 마이크로RNA 결합 부위 시리즈(miR BS) 또는 이의 역 상보체를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0607] 일부 실시형태에서, miR 결합 부위 시리즈 또는 miR 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 바이러스 게놈의 3'-UTR 영역(예를 들어, 페이로드를 암호화하는 핵산 서열에 대해 3'), 예를 들어, 폴리A 서열 앞, 바이러스 게놈의 5'-UTR 영역(예를 들어, 페이로드를 암호화하는 핵산 서열에 대해 5') 또는 둘 다에 위치한다.

[0608] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR 결합 부위(miR BS)의 적어도 1개 내지 5개의 카피, 예를 들어, 적어도 1개 내지 3개, 2개 내지 4개, 3개 내지 5개, 1개, 2개, 3개, 4개, 5개 이상의 카피를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR 결합 부위의 4개의 카피를 포함한다. 일부 실시형태에서, 모든 카피는 동일하며, 예를 들어, 동일한 miR 결합 부위를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈 내의 miR 결합 부위는 연속적이며, 스페이서에 의해 분리되지 않는다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈 내의 miR 결합 부위는 스페이서, 예를 들어, 논-코딩 서열에 의해 분리된다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 약 1개 내지 6개 뉴클레오타이드 또는 약 5개 내지 10개 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 7개 내지 8개 뉴클레오타이드의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 약 8개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서 서열은 (i) GGAT; (ii) CACGTG; (iii) GCATGC 또는 (i) 내지 (iii) 중 하나 이상의 반복부 중 하나 이상을 포함한다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0609] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR 결합 부위(miR BS)의 적어도 1개 내지 5개의 카피,

예를 들어, 적어도 1개 내지 3개, 2개 내지 4개, 3개 내지 5개, 1개, 2개, 3개, 4개, 5개 이상의 카피를 포함한다. 일부 실시형태에서, 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개 또는 모든 카피는 상이하며, 예를 들어, 상이한 miR 결합 부위를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈 내의 miR 결합 부위는 연속적이며, 스페이서에 의해 분리되지 않는다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈 내의 miR 결합 부위는 스페이서, 예를 들어, 논-코딩 서열에 의해 분리된다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 약 1개 내지 6개의 뉴클레오타이드 또는 약 5개 내지 10개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 7개 내지 8개의 뉴클레오타이드 또는 약 8개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서 서열은 (i) GGAT; (ii) CACGTG; (iii) GCATGC 또는 (i) 내지 (iii) 중 하나 이상의 반복부 중 하나 이상을 포함한다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0610] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 숙주 세포의 miR과 실질적으로 동일(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100% 동일)하다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 숙주 세포의 miR에 대해 적어도 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 미스매치 또는 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개 이하의 미스매치를 포함한다. 일부 실시형태에서, 미스매치된 뉴클레오타이드는 연속적이다. 일부 실시형태에서, 미스매치된 뉴클레오타이드는 비연속적이다. 일부 실시형태에서, 미스매치된 뉴클레오타이드는 miR 결합 부위의 한쪽 또는 양쪽 말단과 같이 miR 결합 부위의 시드 영역-결합 서열의 외부에서 발생한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 숙주 세포의 miR과 100% 동일하다.

[0611] 일부 실시형태에서, miR 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 숙주 세포의 miR과 실질적으로 상보적(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100% 상보적)이다. 일부 실시형태에서, miR 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열과 상보적인 서열은 상응하는 숙주 세포의 miR에 비해 적어도 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 미스매치 또는 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개 이하의 미스매치를 포함한다. 일부 실시형태에서, 미스매치된 뉴클레오타이드는 연속적이다. 일부 실시형태에서, 미스매치된 뉴클레오타이드는 비연속적이다. 일부 실시형태에서, 미스매치된 뉴클레오타이드는 miR 결합 부위의 한쪽 또는 양쪽 말단과 같이 miR 결합 부위의 시드 영역-결합 서열의 외부에서 발생한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 숙주 세포의 miR과 100% 상보적이다.

[0612] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 또는 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 약 10개 내지 약 125개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 약 10개 내지 50개의 뉴클레오타이드, 10개 내지 100개의 뉴클레오타이드, 50개 내지 100개의 뉴클레오타이드, 50개 내지 125개의 뉴클레오타이드 또는 100개 내지 125개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 또는 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 약 7개 내지 약 28개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 약 8개 내지 28개의 뉴클레오타이드, 7개 내지 28개의 뉴클레오타이드, 8개 내지 18개의 뉴클레오타이드, 12개 내지 28개의 뉴클레오타이드, 20개 내지 26개의 뉴클레오타이드, 22개의 뉴클레오타이드, 24개의 뉴클레오타이드 또는 26개의 뉴클레오타이드 길이이며, 선택적으로 miRNA(예를 들어, miR122, miR142, miR183)의 시드 서열과 상보적(예를 들어, 완전히 상보적이거나 또는 부분적으로 상보적)인 적어도 하나의 연속 영역(예를 들어, 7개 또는 8개의 뉴클레오타이드)을 포함한다.

[0613] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 miR122와 같은 간 또는 간세포에서 발현되는 miR과 상보적(예를 들어, 완전히 상보적이거나 또는 부분적으로 상보적)이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 또는 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR122 결합 부위 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR122 결합 부위는 ACAAACACCATTGTCACACTCCA의 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1865), 또는 서열번호 1865에 대해 적어도 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 적어도 95%, 적어도 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖거나 또는 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하되, 예를 들어, 변형은 암호화된 miR 결합 부위와 상응하는 miRNA 사이에 미스매치를 초래할 수 있다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 암호화된 miR122 결합 부위, 예를 들어, 암호화된 miR122 결합 부위 시리즈의 적어도 3개, 4개 또는 5개 카피를 포함하되, 선택적으로 암호화된 miR122 결합 부위 시리즈는 ACAAACACCATTGTCACACTCCACACAAACACCATTGTCACACTCCACACAAACACCATTGTCACACTCCA의 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1866), 또는 서열번호 1866에 대해 적어도 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 적어도 95%, 적어도 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖거나 또는 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하되, 예를 들어, 변형은 암호화된 miR 결합 부위와 상응하는 miRNA 사이에 미스매치를 초래할 수 있다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR122 결합 부위 중 적어도 2개는, 예를 들어, 스페이서 없이 직접 연결된다. 다른 실시형태에서, 암호화된 miR122 결합 부위 중 적어도 2개는, 예

를 들어, 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 뉴클레오타이드 길이이며 2개 이상의 연속 암호화된 miR122 결합 부위 서열 사이에 위치한 스페이서에 의해 분리된다. 실시형태에서, 스페이서는 약 1개 내지 6개의 뉴클레오타이드 또는 약 5개 내지 10개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 7개 내지 8개의 뉴클레오타이드 또는 약 8개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서 서열은 (i) GGAT; (ii) CACGTG; (iii) GCATGC 또는 (i) 내지 (iii) 중 하나 이상의 반복부 중 하나 이상을 포함한다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0614] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 면역 세포(예를 들어, 수지상 세포(dendritic cell: DC), 대식세포 및 B-림프구를 포함하는 항원 제시 세포 또는 APC(antigen presenting cell))를 포함하는 조혈 계통에서 발현되는 miR과 상보적(예를 들어, 완전히 상보적이거나 또는 부분적으로 상보적)이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 조혈 계통에서 발현된 miR과 상보적(예를 들어, 완전히 상보적이거나 또는 부분적으로 상보적)이며, 예를 들어, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 US 2018/0066279에 개시되어 있는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0615] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 또는 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR-142-3p 결합 부위 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR-142-3p 결합 부위는 TCCATAAAGTAGGAAACACTACA의 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1869), 서열번호 1842에 대해 적어도 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 적어도 95%, 적어도 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖거나 또는 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하되, 예를 들어, 변형은 암호화된 miR 결합 부위와 상응하는 miRNA 사이에 미스매치를 초래할 수 있다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 암호화된 miR-142-3p 결합 부위, 예를 들어, 암호화된 miR-142-3p 결합 부위 시리즈의 적어도 3개, 4개 또는 5개의 카피를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR-142-3p 결합 부위의 적어도 3개, 4개 또는 5개의 카피(예를 들어, 4개의 카피)는 연속적이거나(예를 들어, 스페이서에 의해 분리되지 않음) 또는 스페이서에 의해 분리된다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 약 1개 내지 6개의 뉴클레오타이드 또는 약 5개 내지 10개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 7개 내지 8개의 뉴클레오타이드 또는 약 8개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서 서열은 (i) GGAT; (ii) CACGTG; (iii) GCATGC 또는 (i) 내지 (iii) 중 하나 이상의 반복부 중 하나 이상을 포함한다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0616] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 DRG(후근 신경절) 뉴런에서 발현되는 miR, 예를 들어, miR183, miR182 및/또는 miR96 결합 부위와 상보적(예를 들어, 완전히 상보적이거나 또는 부분적으로 상보적)이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는 DRG 뉴런에서 발현된 miR과 상보적(예를 들어, 완전히 상보적이거나 또는 부분적으로 상보적)이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위는, 예를 들어, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 WO2020/132455에 개시되어 있는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0617] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 또는 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR183 결합 부위 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR183 결합 부위는 AGTGAATTCTACCAGTGCCATA의 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1847), 또는 서열번호 1847에 대해 적어도 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 적어도 95%, 적어도 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖거나 또는 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하되, 예를 들어, 변형은 암호화된 miR 결합 부위와 상응하는 miRNA 사이에 미스매치를 초래할 수 있다. 일부 실시형태에서, 서열은 암호화된 miR-183 결합 부위 서열의 이중으로 밑줄 친 부분에 해당하는 시드 서열과 상보적(예를 들어, 완전히 상보적이거나 또는 부분적으로 상보적)이다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 암호화된 miR183 결합 부위, 예를 들어, 암호화된 miR183 결합 부위의 적어도 3개, 4개 또는 5개의 카피(예를 들어, 4개의 카피)를 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 암호화된 miR183 결합 부위의 적어도 4개의 카피, 예를 들어, miR183 결합 부위의 4개의 카피를 포함하는 암호화된 miR183 결합 부위를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR183 결합 부위의 적어도 3개, 4개 또는 5개의 카피(예를 들어, 4개의 카피)는 연속적이거나(예를 들어, 스페이서에 의해 분리되지 않음) 또는 스페이서에 의해 분리된다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 약 1개 내지 6개의 뉴클레오타이드 또는 약 5개 내지 10개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 7개 내지 8개의 뉴클레오타이드 또는 약 8개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR183 결합 부위 시리즈는 서열번호 1849의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1849

에 대해 적어도 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 적어도 95%, 적어도 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖거나 또는 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0618] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 또는 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR182 결합 부위 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR182 결합 부위는 AGTGTGAGTTCTACCATTGCCAAA의 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1867), 서열번호 1867에 대해 적어도 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 적어도 95%, 적어도 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖거나 또는 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하되, 예를 들어, 변형은 암호화된 miR 결합 부위와 상응하는 miRNA 사이에 미스매치를 초래할 수 있다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 암호화된 miR182 결합 부위, 예를 들어, 암호화된 miR182 결합 부위 시리즈의 적어도 3개, 4개 또는 5개의 카피를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR182 결합 부위의 적어도 3개, 4개 또는 5개의 카피(예를 들어, 4개의 카피)는 연속적이거나(예를 들어, 스페이서에 의해 분리되지 않음) 또는 스페이서에 의해 분리된다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 약 1개 내지 6개의 뉴클레오타이드 또는 약 5개 내지 10개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 7개 내지 8개의 뉴클레오타이드 또는 약 8개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0619] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 또는 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR96 결합 부위 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR96 결합 부위는 AGCAAAAATGTGCTAGTGCCAAA의 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1868), 서열번호 1868에 대해 적어도 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 적어도 95%, 적어도 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖거나 또는 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 서열을 포함하되, 예를 들어, 변형은 암호화된 miR 결합 부위와 상응하는 miRNA 사이에 미스매치를 초래할 수 있다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 암호화된 miR96 결합 부위, 예를 들어, 암호화된 miR96 결합 부위 시리즈의 적어도 3개, 4개 또는 5개의 카피를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR96 결합 부위의 적어도 3개, 4개 또는 5개의 카피(예를 들어, 4개의 카피)는 연속적이거나(예를 들어, 스페이서에 의해 분리되지 않음) 또는 스페이서에 의해 분리된다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 약 1개 내지 6개의 뉴클레오타이드 또는 약 5개 내지 10개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 7개 내지 8개의 뉴클레오타이드 또는 약 8개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0620] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR122 결합 부위, miR142 결합 부위, miR183 결합 부위, miR182 결합 부위, miR 96 결합 부위 또는 이들의 조합을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR122 결합 부위, miR142 결합 부위, miR183 결합 부위, miR182 결합 부위, miR 96 결합 부위 또는 이들의 조합의 적어도 3개, 4개 또는 5개의 카피를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 중 적어도 2개는, 예를 들어, 스페이서 없이 직접 연결된다. 다른 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 중 적어도 2개는, 예를 들어, 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 뉴클레오타이드 길이이며 2개 이상의 연속 암호화된 miR 결합 부위 서열 사이에 위치하는 스페이서에 의해 분리된다. 실시형태에서, 스페이서는 적어도 약 5개 내지 10개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 7개 내지 8개의 뉴클레오타이드 또는 약 8개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서 서열은 (i) GGAT; (ii) CACGTG; (iii) GCATGC 또는 (i) 내지 (iii) 중 하나 이상의 반복부 중 하나 이상을 포함한다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0621] 일부 실시형태에서, 암호화된 miR 결합 부위 시리즈는 miR122 결합 부위, miR142 결합 부위, miR183 결합 부위, miR182 결합 부위, miR96 결합 부위 중 적어도 2개, 3개, 4개, 5개 또는 모두의 조합의 적어도 3개 내지 5개의 카피(예를 들어, 4개의 카피)를 포함하되, 시리즈 내의 각각의 miR 결합 부위는 연속적이거나(예를 들어, 스페이서에 의해 분리되지 않음) 또는 스페이서에 의해 분리된다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 약 1개 내지 6개의 뉴클레오타이드 또는 약 5개 내지 10개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 7개 내지 8개의 뉴클레오타이드 또는 약 8개의 뉴클레오타이드 길이이다. 일부 실시형태에서, 스페이서 서열은 (i) GGAT; (ii) CACGTG; (iii) GCATGC 또는 (i) 내지 (iii) 중 하나 이상의 반복부 중 하나 이상을 포함한다. 일부 실시형태에서, 스페이서는 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하

의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0622] ***바이러스 게놈 성분: 폴리아데닐화 서열***

[0623] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자의 바이러스 게놈은 적어도 하나의 폴리아데닐화(폴리A) 서열을 포함한다. AAV 입자의 바이러스 게놈은 페이로드 코딩 서열의 3' 말단과 3'UTR의 5' 말단 사이에 폴리아데닐화 서열을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 폴리A 신호 영역은 페이로드, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 대해 3'에 위치한다.

[0624] 일부 실시형태에서, 폴리A 신호 영역은 약 100개 내지 600개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 100개 내지 500개의 뉴클레오타이드, 약 100개 내지 400개의 뉴클레오타이드, 약 100개 내지 300개의 뉴클레오타이드, 약 100개 내지 200개의 뉴클레오타이드, 약 200개 내지 600개의 뉴클레오타이드, 약 200개 내지 500개의 뉴클레오타이드, 약 200개 내지 400개의 뉴클레오타이드, 약 200개 내지 300개의 뉴클레오타이드, 약 300개 내지 600개의 뉴클레오타이드, 약 300개 내지 500개의 뉴클레오타이드, 약 300개 내지 400개의 뉴클레오타이드, 약 400개 내지 600개의 뉴클레오타이드, 약 400개 내지 500개의 뉴클레오타이드 또는 약 500개 내지 600개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다. 일부 실시형태에서, 폴리A 신호 영역은 약 100개 내지 150개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 127개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다. 일부 실시형태에서, 폴리A 신호 영역은 약 450개 내지 500개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 477개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다. 일부 실시형태에서, 폴리A 신호 영역은 약 520개 내지 약 560개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 552개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다. 일부 실시형태에서, 폴리A 신호 영역은 약 127개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다.

[0625] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 인간 성장 호르몬(human growth hormone: hGH) 폴리A 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 위에 기재된 바와 같은 hGH 폴리A 및 GCase 단백질 또는 GCase 및 강화 요소(예를 들어, 프로사포신, SapA 또는 SapC 단백질 또는 이들의 변이체; 세포 침투 펩타이드(예를 들어, ApoEII 펩타이드, TAT 펩타이드 또는 ApoB 펩타이드); 또는 라이소솜 표적화 펩타이드)를 암호화하는, 예를 들어, 표 3 및 표 4에 제공된 바와 같은 서열 또는 이의 단편 또는 변이체를 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다.

[0626] ***바이러스 게놈 성분: 필러 서열***

[0627] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 하나 이상의 필러 서열(filler sequence)을 포함한다. 필러 서열은 야생형 서열 또는 조작된 서열일 수 있다. 필러 서열은 야생형 서열의 변이체일 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 인간 알부민의 유도체이다.

[0628] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 바이러스 게놈의 길이가 패키징을 위한 최적의 크기가 되도록 하기 위해 하나 이상의 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 바이러스 게놈의 길이가 약 2.3kb가 되도록 적어도 하나의 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 바이러스 게놈의 길이가 약 4.6kb가 되도록 적어도 하나의 필러 서열을 포함한다.

[0629] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 단일 가닥(ss) 바이러스 게놈이며, 독립적으로 또는 함께 0.1kb, 0.2kb, 0.3kb, 0.4kb, 0.5kb, 0.6kb, 0.7kb, 0.8kb, 0.9kb, 1kb, 1.1kb, 1.2kb, 1.3kb, 1.4kb, 1.5kb, 1.6kb, 1.7kb, 1.8kb, 1.9kb, 2kb, 2.1kb, 2.2kb, 2.3kb, 2.4kb, 2.5kb, 2.6kb, 2.7kb, 2.8kb, 2.9kb, 3kb, 3.1kb, 3.2kb, 3.3kb, 3.4kb, 3.5kb, 3.6kb, 3.7kb 또는 3.8kb와 같으나 이에 제한되지 않는 0.1kb 내지 3.8kb의 길이를 갖는 하나 이상의 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 필러 서열의 총 길이는 3.1kb이다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 필러 서열의 총 길이는 2.7kb이다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 필러 서열의 총 길이는 0.8kb이다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 필러 서열의 총 길이는 0.4kb이다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 각 필러 서열의 길이는 0.8kb이다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 각 필러 서열의 길이는 0.4kb이다.

[0630] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 자가-상보적(sc) 바이러스 게놈이며, 독립적으로 또는 함께 0.1kb, 0.2kb, 0.3kb, 0.4kb, 0.5kb, 0.6kb, 0.7kb, 0.8kb, 0.9kb, 1kb, 1.1kb, 1.2kb, 1.3kb, 1.4kb 또는 1.5kb와 같으나 이에 제한되지 않는 0.1kb 내지 1.5kb의 길이를 갖는 하나 이상의 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 필러 서열의 총 길이는 0.8kb이다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 필러 서열의 총 길이는 0.4kb이다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 각 필러 서열의 길이는 0.8kb이다. 일부 실시형태에서, 벡터 게놈의 각 필러 서열의 길이는 0.4kb이다.

[0631] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 필러 서열의 임의의 부분을 포함한다. 바이러스 게놈은 필러 서열의 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%,

80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%를 포함할 수 있다.

[0632] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 단일 가닥(ss) 바이러스 게놈이며, 바이러스 게놈의 길이가 약 4.6kb가 되도록 하나 이상의 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 5' ITR 서열에 대해 3'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 프로모터 서열에 대해 5'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 폴리아데닐화 신호 서열에 대해 3'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 3' ITR 서열에 대해 5'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 2개의 인트론 서열 사이에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 인트론 서열 내에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 2개의 필러 서열을 포함하며, 제1 필러 서열은 5' ITR 서열에 대해 3'에 위치하고, 제2 필러 서열은 폴리아데닐화 신호 서열에 대해 3'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 2개의 필러 서열을 포함하며, 제1 필러 서열은 프로모터 서열에 대해 5'에 위치하고, 제2 필러 서열은 폴리아데닐화 신호 서열에 대해 3'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 2개의 필러 서열을 포함하며, 제1 필러 서열은 5' ITR 서열에 대해 3'에 위치하고, 제2 필러 서열은 5' ITR 서열에 대해 5'에 위치한다.

[0633] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 자가-상보적(sc) 바이러스 게놈이며, 바이러스 게놈의 길이가 약 2.3kb가 되도록 하나 이상의 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 5' ITR 서열에 대해 3'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 프로모터 서열에 대해 5'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 폴리아데닐화 신호 서열에 대해 3'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 3' ITR 서열에 대해 5'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 2개의 인트론 서열 사이에 위치한다. 비제한적인 예로서, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 필러 서열을 포함하며, 필러 서열은 인트론 서열 내에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 2개의 필러 서열을 포함하며, 제1 필러 서열은 5' ITR 서열에 대해 3'에 위치하고, 제2 필러 서열은 폴리아데닐화 신호 서열에 대해 3'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 2개의 필러 서열을 포함하며, 제1 필러 서열은 프로모터 서열에 대해 5'에 위치하고, 제2 필러 서열은 폴리아데닐화 신호 서열에 대해 3'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 2개의 필러 서열을 포함하며, 제1 필러 서열은 5' ITR 서열에 대해 3'에 위치하고, 제2 필러 서열은 5' ITR 서열에 대해 5'에 위치한다.

[0634] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 바이러스 게놈의 하나 이상의 영역 사이에 하나 이상의 필러 서열을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 영역은 페이로드 영역, 역 말단 반복(ITR), 프로모터 영역, 인트론 영역, 인핸서 영역, 폴리아데닐화 신호 서열 영역 및/또는 엑손 영역과 같으나 이에 제한되지 않는 영역 앞에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 영역은 페이로드 영역, 역 말단 반복(ITR), 프로모터 영역, 인트론 영역, 인핸서 영역, 폴리아데닐화 신호 서열 영역 및/또는 엑손 영역과 같으나 이에 제한되지 않는 영역 뒤에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 영역은 페이로드 영역, 역 말단 반복(ITR), 프로모터 영역, 인트론 영역, 인핸서 영역, 폴리아데닐화 신호 서열 영역 및/또는 엑손 영역과 같으나 이에 제한되지 않는 영역 앞과 뒤에 위치할 수 있다.

[0635] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 바이러스 게놈의 적어도 하나의 영역을 분기시키는(bifurcate) 하나 이상의 필러 서열을 포함할 수 있다. 바이러스 게놈의 분기된 영역은 필러 서열 영역의 5'에 대한 영역의 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 영역의 10%는 필러 서열에 대해 5'에 위치하고 영역의 90%는 필러 서열에 대해 3'에 위치하도록 적어도 하나의 영역을 분기시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 영역의 20%는 필러 서열에 대해 5'에 위치하고 영역의 80%는 필러 서열에 대해 3'에 위치하도록 적어도 하나의 영역을 분기시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 영역의 30%는 필러 서열에 대해 5'에 위치하고 영역의 70%는 필러 서열에 대해 3'에 위치하도록 적어도 하나의 영역을 분기시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 영역의 40%는 필러 서열에 대해 5'에 위치하고 영역의 60%는 필러 서열에 대해 3'에 위치하도록 적어도 하나의 영역을 분기시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 영역의 50%는 필러 서열에 대해 5'에 위치하고 영역의 50%는 필러 서열에 대해 3'에 위치하도록 적어도 하나의 영역을 분기시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 영역의 60%는 필러 서열에 대해 5'에 위치하고 영역의 40%는 필러

서열에 대해 3'에 위치하도록 적어도 하나의 영역을 분기시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 영역의 70%는 필러 서열에 대해 5'에 위치하고 영역의 30%는 필러 서열에 대해 3'에 위치하도록 적어도 하나의 영역을 분기시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 영역의 80%는 필러 서열에 대해 5'에 위치하고 영역의 20%는 필러 서열에 대해 3'에 위치하도록 적어도 하나의 영역을 분기시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 영역의 90%는 필러 서열에 대해 5'에 위치하고 영역의 10%는 필러 서열에 대해 3'에 위치하도록 적어도 하나의 영역을 분기시킬 수 있다.

[0636] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 5' ITR 뒤에 필러 서열을 포함한다.

[0637] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 프로모터 영역 뒤에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 페이로드 영역 뒤에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 인트론 영역 뒤에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 인핸서 영역 뒤에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 폴리아데닐화 신호 서열 영역 뒤에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 엑손 영역 뒤에 필러 서열을 포함한다.

[0638] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 프로모터 영역 앞에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 페이로드 영역 앞에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 인트론 영역 앞에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 인핸서 영역 앞에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 폴리아데닐화 신호 서열 영역 앞에 필러 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 엑손 영역 앞에 필러 서열을 포함한다.

[0639] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 3' ITR 앞에 필러 서열을 포함한다.

[0640] 일부 실시형태에서, 필러 서열은 5' ITR 및 프로모터 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 5' ITR 및 페이로드 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 5' ITR 및 인트론 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 5' ITR 및 인핸서 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 5' ITR 및 폴리아데닐화 신호 서열 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다.

[0641] 일부 실시형태에서, 필러 서열은 5' ITR 및 엑손 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다.

[0642] 일부 실시형태에서, 필러 서열은 프로모터 영역 및 페이로드 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 프로모터 영역 및 인트론 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 프로모터 영역 및 인핸서 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 프로모터 영역 및 폴리아데닐화 신호 서열 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 프로모터 영역 및 엑손 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 프로모터 영역 및 3' ITR과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다.

[0643] 일부 실시형태에서, 필러 서열은 페이로드 영역 및 인트론 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 페이로드 영역 및 인핸서 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 페이로드 영역 및 폴리아데닐화 신호 서열 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다. 일부 실시형태에서, 필러 서열은 페이로드 영역 및 엑손 영역과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다.

[0644] 일부 실시형태에서, 필러 서열은 페이로드 영역 및 3' ITR과 같지만 이에 제한되지 않는 2개의 영역 사이에 위치할 수 있다.

[0645] ***바이러스 게놈 성분: 페이로드***

[0646] 일부 실시형태에서, AAV 입자, 예를 들어, GBA 단백질, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질의 벡터화된 전달을 위한 AAV 입자는 페이로드를 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 입자, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질(예를 들어, GBA 단백질)의 벡터화된 전달을 위한 AAV 입자는 페이로드를 암호화하는 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 페이로드를 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 작동

가능하게 연결된 프로모터를 포함한다. 일부 실시형태에서, 페이로드는 GBA 단백질을 포함한다.

[0647] 일부 실시형태에서, 본 명세서의 개시내용은 유전자 요법 벡터에 의해 전달되는 GCase 단백질의 개선된 발현을 가능하게 하는 작제물을 제공한다.

[0648] 일부 실시형태에서, 개시내용은 유전자 요법 벡터에 의해 전달되는 GCase 단백질의 개선된 생체분포를 가능하게 하는 작제물을 제공한다.

[0649] 일부 실시형태에서, 개시내용은 유전자 요법 벡터에 의해 전달되는 GCase 단백질의 개선된 세포하 분포 또는 수송을 가능하게 하는 작제물을 제공한다.

[0650] 일부 실시형태에서, 개시내용은 유전자 요법 벡터에 의해 전달되는 라이소솜 막으로의 GCase 단백질의 개선된 수송을 가능하게 하는 작제물을 제공한다.

[0651] 일부 양태에서, 본 개시내용은 GCase 단백질, 또는 이의 기능적 단편 또는 변이체를 암호화하는 핵산 서열을 함유하거나 또는 포함하는 조성물 및 조성물을 시험관내 또는 대상체, 예를 들어, 인간 및/또는 질환, 예를 들어, GBA의 발현과 관련된 질환의 동물 모델의 생체내에 투여하는 단계를 포함하는 방법에 관한 것이다.

[0652] 본 개시내용의 AAV 입자는 적어도 하나의 "페이로드"를 암호화하는 핵산 서열을 포함할 수 있다. 본 명세서에서 사용되는 "페이로드" 또는 "페이로드 영역"은 바이러스 게놈에 의해 또는 그 내부에 암호화된 하나 이상의 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 영역, 또는 이러한 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 영역의 발현 산물, 예를 들어, 이식유전자, 폴리펩타이드 또는 다중-폴리펩타이드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드의 발현 산물, 예를 들어, GCase 단백질, 또는 이의 단편 또는 변이체를 지칭한다. 페이로드는 페이로드를 운반하는 AAV 입자가 형질도입되거나 또는 이와 접촉한 표적 세포에서의 GCase 단백질의 발현(단백질 제품의 보충 또는 조절 핵산을 사용한 유전자 대체에 의해)에 유용한 당업계에 공지된 임의의 핵산을 포함할 수 있다.

[0653] 본 명세서에 기재된 바와 같은 AAV 게놈에서 사용하기 위한 GCase를 암호화하는 이식유전자의 특정 특징은 야생형 GBA-암호화 서열 및 향상된 GBA-암호화 작제물의 사용을 포함한다. 일부 예에서, GBA-암호화 서열은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2019040507호에 기재되어 있는 바와 같은 재조합 및/또는 변형된 GBA 서열이다. 일부 실시형태에서, GBA-암호화 서열은 NCBI 참조 서열 NP_000148.2(국제 공개 제WO2019070893호의 서열번호 14, 참조에 의해 본 명세서에 원용됨)에 제공된 바와 같다. 일부 실시형태에서, GBA-암호화 서열은 WO2019070893의 서열번호 15에 제시된 서열과 같은 인간 세포를 비롯한 포유동물 세포에서의 발현을 위해 최적화된 코돈이다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 사포신 단백질 A, B, C 및 D(각각 SapA, SapB, SapC 및 SapD)의 전구체인 프로사포신(PSAP)을 암호화하는 서열을 포함한다. 프로사포신을 암호화하는 서열은 NCBI 참조 서열 NP_002769.1(WO2019070893의 서열번호 16)에 의해 제공된 바와 같은 서열일 수 있다. 일부 실시형태에서, PSAP-암호화 서열은 WO2019070893의 서열번호 17에 제시된 서열과 같은 인간 세포를 비롯한 포유동물 세포에서의 발현을 위해 최적화된 코돈이다. 일부 실시형태에서, GBA-암호화 서열은 국제 공개 제WO2019070894호에 기재되어 있는 바와 같은 재조합 및/또는 변형된 GBA 서열이다.

[0654] 본 명세서에 기재되고 예시된 바와 같은 향상된 GBA-암호화 서열은 바이러스 게놈에서 프로사포신 또는 사포신 C 코딩 서열의 혼입에 의해 GCase 효소의 향상된 촉매 활성을 달성할 수 있다. 대안적으로, 향상된 GBA-암호화 서열은, 예를 들어, HIV-유래 TAT 펩타이드, 인간 아포지단백질 B 수용체 결합 도메인, 인간 아포지단백질 E II 수용체 결합 도메인 또는 다른 세포 침투-강화 서열을 혼입함으로써 분비된 GCase 생성물의 향상된 세포 침투를 달성할 수 있다. 일부 실시형태에서, 향상된 GBA-암호화 서열은 a) Rnase A-유래 서열; b) HSC70-유래 서열; c) 헤모글로빈-유래 서열; d) Rnase A-유래, HSC70-유래 및 헤모글로빈-유래 라이소솜 표적화 서열의 조합; 또는 e) 기타 라이소솜 표적화 인핸서 서열 중 하나 이상의 혼입에 의해 향상된 세포내 라이소솜 표적화를 달성할 수 있다. 본 명세서에 기재된 바와 같은 향상된 GBA-암호화 서열은 일부 실시형태에서 향상된 촉매 활성, 향상된 세포-침투 활성 및/또는 향상된 라이소솜 표적화 특징의 조합적 향상을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 이러한 향상된 특징의 조합(들)은 본 명세서에 기재된 AAV 게놈을 보유하는 AAV 입자에 감염된 세포에서 GCase 활성 또는 발현에 상가적 효과를 갖는다. 예를 들어, 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 게놈은 라이소솜 표적화 서열, GCase-코딩 서열, 링커 및 PSAP/SapC-암호화 서열을 갖는 GCase-암호화 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 이러한 향상된 특징의 조합(들)은 본 명세서에 기재된 AAV 게놈을 보유하는 AAV 입자에 감염된 세포에서 GCase 활성 또는 발현에 상승적 효과를 갖는다.

[0655] 페이로드 작제물은 코딩 및 논-코딩 핵산 서열의 조합을 포함할 수 있다.

[0656] 바이러스 게놈의 임의의 분절, 단편 또는 전체 및 그 안의 페이로드 영역은 코돈 최적화될 수 있다.

[0657] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 하나 초과의 페이로드를 암호화한다. 비제한적인 예로서, 하나 초과의 페이로드를 암호화하는 바이러스 게놈은 복제되어 바이러스 입자로 패키징될 수 있다. 하나 초과의 페이로드를 포함하는 바이러스 입자가 형질도입된 표적세포는 단일 세포에서 각각의 페이로드를 발현할 수 있다.

[0658] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 코딩 또는 논-코딩 RNA를 암호화할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 아데노-관련 바이러스 벡터 입자는 코작 서열, 백본 서열 및 인트론 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 적어도 하나의 시스-요소를 추가로 포함한다.

[0659] 일부 실시형태에서, 페이로드는 펩타이드 또는 단백질일 수 있는 폴리펩타이드이다. 페이로드 작제물에 의해 암호화된 단백질은 분비된 단백질, 세포내 단백질, 세포외 단백질 및/또는 막 단백질을 포함할 수 있다. 암호화된 단백질은 구조적 또는 기능적일 수 있다. 바이러스 게놈에 의해 암호화된 단백질은 포유동물 단백질을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 소정의 실시형태에서, AAV 입자는 GCase 단백질, 또는 이의 단편 또는 변이체를 암호화하는 바이러스 게놈을 포함한다. 본 명세서에 기재된 AAV 입자는 인간 질환, 수의학 응용 분야 및 다양한 생체내 및 시험관내 환경에서 유용할 수 있다.

[0660] 일부 실시형태에서, 페이로드는 세포 형질전환 및 발현을 평가하기 위한 마커 단백질 역할을 하는 폴리펩타이드, 융합 단백질, 목적하는 생물학적 활성을 갖는 폴리펩타이드, 유전적 결함을 보완할 수 있는 유전자 산물, RNA 분자, 전사 인자 및 조절 및/또는 발현에 있어서 관심이 있는 기타 관심 유전자 산물을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 페이로드는 목적하는 효과 또는 조절 기능(예를 들어, 트랜스포존, 전사 인자)을 제공하는 뉴클레오타이드 서열을 포함할 수 있다.

[0661] 암호화된 페이로드는 유전자 요법 제품을 포함할 수 있다. 유전자 요법 제품은 폴리펩타이드, RNA 분자 또는 표적 세포에서 발현될 때 목적하는 치료 효과를 제공하는 기타 유전자 산물을 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 일부 실시형태에서, 유전자 요법 제품은 비기능적 유전자 또는 유전자 없거나, 불충분한 양으로 발현되거나 또는 돌연변이된 유전자에 대한 대체물을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 유전자 요법 제품은 비기능적 단백질 또는 폴리펩타이드, 또는 없거나, 불충분한 양으로 발현되거나, 잘못 폴딩되거나, 너무 빠르게 분해되거나 또는 돌연변이된 단백질 또는 폴리펩타이드에 대한 대체물을 포함할 수 있다. 예를 들어, 유전자 요법 제품은 GCase 결핍 또는 GBA-관련 장애를 치료하기 위한 GCase 단백질 또는 GCase 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있다.

[0662] 일부 실시형태에서, 페이로드는 메신저 RNA(mRNA)를 암호화한다. 본 명세서에서 사용되는 용어 "메신저 RNA"(mRNA)는 관심 폴리펩타이드를 암호화하고, 번역되어 시험관내, 생체내, 제자리 또는 생체외에서 암호화된 관심 폴리펩타이드를 생산할 수 있는 임의의 폴리뉴클레오타이드를 지칭한다. 소정의 실시형태는 GCase를 암호화하는 mRNA 또는 이들의 변이체를 제공한다.

[0663] mRNA의 구성요소는 코딩 영역, 5'-UTR(비번역 영역), 3'-UTR, 5'-캡 및 폴리-A 꼬리를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 일부 실시형태에서, 암호화된 mRNA 또는 AAV 게놈의 임의의 부분은 코돈 최적화될 수 있다.

[0664] 일부 실시형태에서, GCase 또는 이들의 변이체를 암호화하는 페이로드 작제물에 의해 암호화되는 단백질 또는 폴리펩타이드는 약 50개 내지 약 4500개의 아미노산 잔기 길이(이하 본 문맥에서, "X 아미노산 길이"는 X 아미노산 잔기를 지칭함)이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질 또는 폴리펩타이드는 50개 내지 2000개의 아미노산 길이이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질 또는 폴리펩타이드는 50개 내지 1000개의 아미노산 길이이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질 또는 폴리펩타이드는 50개 내지 1500개의 아미노산 길이이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질 또는 폴리펩타이드는 50개 내지 1000개의 아미노산 길이이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질 또는 폴리펩타이드는 50개 내지 800개의 아미노산 길이이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질 또는 폴리펩타이드는 50개 내지 600개의 아미노산 길이이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질 또는 폴리펩타이드는 50개 내지 400개의 아미노산 길이이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질 또는 폴리펩타이드는 50개 내지 200개의 아미노산 길이이다. 일부 실시형태에서, 암호화된 단백질 또는 폴리펩타이드는 50개 내지 100개의 아미노산 길이이다.

[0665] 페이로드를 암호화하는 페이로드 작제물은 선별 마커를 포함하거나 또는 이를 암호화할 수 있다. 선별 마커는 선별 마커를 발현할 수 있거나 또는 발현하지 않을 수 있는 세포 집단으로부터 숙주 세포의 확인, 선택 및/또는 정제를 가능하게 하는 숙주 세포에서 발현되는 유전자 서열 또는 유전자 서열에 의해 암호화되는 단백질 또는 폴리펩타이드를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 선별 마커는 항생제 처리와 같이 숙주 세포를 죽일 선택

과정에서 살아남을 수 있는 저항성을 제공한다. 일부 실시형태에서, 항생제 선별 마커는 네오마이신 저항성(예를 들어, neo), 하이그로마이신저항성, 카나마이신 저항성 및/또는 퓨로마이신 저항성을 포함하지만 이에 제한되지 않는 하나 이상의 항생제 저항성 인자를 포함할 수 있다.

[0666] 일부 실시형태에서, 페이로드를 암호화하는 페이로드 작제물은 β-락타메이스, 루시퍼레이스, β-갈락토시데이스 또는 CD4 또는 절단된 신경 성장 인자(NGFR)와 같은 세포-표면 마커를 포함하여 해당 용어가 당업계에서 이해되는 바와 같은 임의의 다른 리포터 유전자를 포함하지만 이에 제한되지 않는 선별 마커를 포함할 수 있다(GFP의 경우, WO 96/23810; 문헌[Heim *et al.*, *Current Biology* 2:178-182 (1996); Heim *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* (1995); 또는 Heim *et al.*, *Science* 373:663-664 (1995)] 참조; β-락타메이스의 경우, WO 96/30540 참조; 각각의 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용됨).

[0667] 일부 실시형태에서, 선별 마커를 암호화하는 페이로드 작제물은 형광 단백질을 포함할 수 있다. 본 명세서에 기재된 바와 같은 형광 단백질은 녹색, 황색 및/또는 적색 형광 단백질(GFP, YFP 및/또는 RFP)을 포함하지만 이에 제한되지 않는 임의의 형광 마커를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 선별 마커를 암호화하는 페이로드 작제물은 인간 인플루엔자 헤마글루티닌(HA) 태그를 포함할 수 있다.

[0668] 소정의 실시형태에서, 표적 세포에서 페이로드의 발현을 위한 핵산은 바이러스 게놈에 혼입되고, 2개의 ITR 서열 사이에 위치할 것이다.

[0669] 일부 실시형태에서, 페이로드 작제물은 전체 개시내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2019213180A1호에 기술되어 있는 바와 같이 높은 친화도로 양이온-독립적 만노스 6-포스페이트(M6P) 수용체(cation-independent mannose 6-phosphate: CI-MPR)에 결합하는 펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 추가로 포함한다. CI-MPR에 결합하는 펩타이드는, 예를 들어, IGF2 펩타이드 또는 이들의 변이체일 수 있다. CI-MPR의 결합은 유전자 요법 벡터에 의해 제공되는 치료적 단백질의 세포 흡수 또는 전달 및 세포내 또는 세포하 표적화를 용이하게 할 수 있다.

[0670] ***페이로드 구성요소: 링커***

[0671] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈은 코딩 또는 논-코딩 영역을 분리하기 위해 하나 이상의 스페이서 또는 링커 영역으로 조작될 수 있다.

[0672] 일부 실시형태에서, 페이로드, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산은 링커를 암호화하는 핵산 서열을 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 페이로드를 암호화하는 핵산은 2개 이상의 링커를 암호화한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는 표 2 또는 표 5에 제공된 링커를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는 표 2 또는 표 5에 제공된 뉴클레오타이드 서열 중 어느 하나에 의해 암호화된 아미노산 서열 또는 이에 대해 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 링커를 암호화하는 핵산 서열은 표 2 또는 표 5에 제공된 뉴클레오타이드 서열 또는 이에 대해 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열 중 어느 하나를 포함한다. 일부 실시형태에서, 링커는 표 2에 제공된 아미노산 서열들 또는 아미노산 서열 중 어느 하나를 포함한다.

[0673] 일부 실시형태에서, 링커는 발현 동안 페이로드 영역에 의해 암호화된 폴리펩타이드를 연결하는 데 사용될 수 있는 펩타이드 링커일 수 있다. 일부 실시형태에서, 펩타이드 링커는 GCase 단백질 도메인을 분리하거나 또는 본 명세서에 기재된 강화 요소, 예를 들어, 프로사포신, SapA 및/또는 SapC 단백질 또는 기능적 변이체로부터 GCase 단백질을 분리하기 위해 발현 후에 절단될 수 있어, 독립적인 기능적 GCase 단백질 및 강화 요소 폴리펩타이드, 예를 들어, 프로사포신, SapA 및/또는 SapC 폴리펩타이드 및 기타 페이로드 폴리펩타이드의 발현을 가능하게 한다. 링커 절단은 효소적일 수 있다. 경우에 따라, 링커는 세포내 또는 세포외 절단을 용이하게 하기 위한 효소적 절단 부위를 포함한다. 일부 페이로드 영역은 mRNA 전사체로부터 링커 서열을 번역하는 동안 폴리펩타이드 합성을 방해하는 링커를 암호화한다. 이러한 링커는 단일 전사체로부터 분리된 단백질 도메인의 번역을 촉진할 수 있다. 경우에 따라, 2개 이상의 링커가 바이러스 게놈의 페이로드 영역에 의해 암호화된다.

표 2

링커

링커 ID	설명	길이	서열번호
링커 1	퓨린	12	1724
링커 2	퓨린	12	1725
링커 3	T2A	54	1726
링커 4	F2A	75	1727
링커 5	P2A	66	1728
링커 6	G4S	18	1729
링커 7	G4S3	45	1730
링커 8	G4S5	75	1731
링커 9	IRES	609	1732
링커 10	IRES-2	623	1733
링커 11	hIgG2 힌지	54	1734
링커 12	hIgG3 힌지	108	1735
링커 13	hIgG3-2 힌지	153	1736
링커 14	hIgG3-3 힌지	198	1737
링커 15	msiGG-1 힌지	45	1738
링커 16	msiGG1 힌지	18	1739
링커 17	G4S3	45	1873

[0674]

[0675] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질 및 강화 요소는, 예를 들어, 링커 없이 직접 연결될 수 있다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질 및 강화 요소는 링커를 통해 연결될 수 있다. 일부 실시형태에서, 링커는 절단 가능한 링커이다. 일부 실시형태에서, 링커는 절단되지 않는다.

[0676] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 임의의 페이로드는 GBA 단백질 및 강화 요소, 예를 들어, 세포 침투 펩타이드, 예를 들어, ApoEII 펩타이드, TAT 펩타이드 및/또는 ApoB 펩타이드를 연결하는 다양한 길이의 링커, 예를 들어, 가요성 폴리펩타이드 링커를 가질 수 있다. 예를 들어, (Gly4Ser)n 링커(서열번호 1872)(여기서 n은 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 또는 8임)가 사용될 수 있다(예를 들어, 서열번호 1729, 1730, 1731, 1843 또는 1845 중 어느 하나). 일부 실시형태에서, 링커는 (Gly4Ser)3(서열번호 1845)을 포함한다. 일부 실시형태에서, 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1730에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는 서열번호 1845의 아미노산 서열 또는 서열번호 1845에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함한다.

[0677] 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는, 예를 들어, 세포내 및/또는 세포외 절단을 위한 효소적 절단 부위를 포함한다. 일부 실시형태에서, 링커는 절단되어 GBA 단백질과 암호화된 강화 요소, 예를 들어, 프로사포신 폴리펩타이드, SapA 폴리펩타이드, SapC 폴리펩타이드 또는 이들의 기능적 변이체를 분리한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는 퓨린 링커 또는 기능적 변이체를 포함한다. 일부 실시형태에서, 퓨린 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열, 서열번호 1724에 대해 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1724에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 퓨린 링커는 서열번호 1854의 아미노산 서열 또는 서열번호 1854에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 퓨린은 염기성 아미노산 표적 서열(예를 들어, Arg-X-(Arg/Lys)-Arg)(예를 들어, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌 [Thomas, G., 2002. Nature Reviews Molecular Cell Biology 3(10): 753-66]에 기술되어 있는 바와 같음)의 단백질 하류를 절단한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는 2A 자가-절단성 펩타이드(예를 들어, 구제역 바이러스(F2A), 돼지 테스코바이러스-1(P2A), 토세아아시그나 바이러스(T2A) 또는 말 비염 A 바이러스(E2A)로부터 유래되는 2A 펩타이드)를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는 T2A 자가-절단성 펩타이드 링커를 포함한다. 일부 실시형태에서, T2A 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열, 서열번호 1726에 대해 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1726에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, T2A 링커는 서열번호 1855의 아미노산 서열 또는 서열번호 1855에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을

포함한다. 일부 실시형태에서, 페이로드를 암호화하는 핵산은 퓨린 링커 및 T2A 링커를 암호화한다.

[0678] 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는, 예를 들어, 하나 이상의 이식유전자의 발현을 조절하는 데 사용될 수 있는 뉴클레오타이드 서열, 예를 들어, mRNA 서열(Kim, J.H. et al., 2011. PLoS One 6(4): e18556; 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용됨)의 중간에서 번역을 개시하기 위한 뉴클레오타이드 서열(500개 초과의 뉴클레오타이드)인 내부 리보솜 진입 부위(internal ribosomal entry site: IRES)를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화 링커는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 Huston 등의 미국 특허 제US5525491호에 기술된 것과 같은 작고 분지되지 않은 세린-풍부 펩타이드 링커를 포함한다. 일부 실시형태에서, 세린-풍부 링커를 포함하는 폴리펩타이드는 증가된 용해도를 갖는다. 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는 각각의 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 Whitlow 및 Filpula의 미국 특허 제US5856456호에 그리고 Ladner 등의 미국 특허 제US 4946778호에 기술된 것들과 같은 인공 링커를 포함한다.

[0679] 일부 실시형태에서, 암호화된 링커는, 예를 들어, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 Cizeau 및 Macdonald의 국제 공개 제WO2008052322호에 기술된 것과 같은 카텝신, 매트릭스 메탈로프로테이네이스 또는 레구마인 절단 부위를 포함한다.

[0680] 일부 실시형태에서, 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 약 10개 내지 약 700개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 약 10개 내지 약 700개의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 약 10개 내지 약 100개, 예를 들어, 약 50개 내지 약 200개의 뉴클레오타이드, 약 150개 내지 약 300개의 뉴클레오타이드, 약 250개 내지 400개의 뉴클레오타이드, 약 350개 내지 500개의 뉴클레오타이드, 약 450개 내지 600개의 뉴클레오타이드, 약 550개 내지 700개의 뉴클레오타이드, 약 650개 내지 700개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다. 일부 실시형태에서, 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 약 5개 내지 약 20개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 약 12개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다. 일부 실시형태에서, 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 약 40개 내지 약 60개의 뉴클레오타이드 길이, 예를 들어, 약 54개의 뉴클레오타이드 길이를 포함한다.

[0681] ***페이로드 구성요소: 신호 서열***

[0682] 일부 실시형태에서, 페이로드, 예를 들어, GBA 단백질, 강화 요소(예를 들어, 프로사포신 단백질, 사포신 C 단백질 또는 이들의 변이체; 세포 침투 펩타이드(예를 들어, ApoEII 펩타이드, TAT 펩타이드 및/또는 ApoB 단백질) 또는 라이소솜 표적화 신호) 또는 GBA 단백질과 강화 요소를 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산 서열은 신호 서열(예를 들어, 본 명세서의 신호 서열 영역)을 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 페이로드를 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산 서열은 2개의 신호 서열 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, 페이로드를 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산 서열은 3개 이상의 신호 서열 영역을 포함한다.

[0683] 일부 실시형태에서, 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 강화 요소를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 GBA 단백질 및/또는 암호화된 강화 요소는 N-말단에 신호 서열을 포함하되, 신호 서열은 세포 처리 및/또는 GBA 단백질 및/또는 강화 요소의 국재화 동안 선택적으로 절단된다.

[0684] 일부 실시형태에서, 신호 서열은 표 4 또는 표 14에 제공된 신호 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99% 동일성을 가짐) 서열 중 어느 하나의 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 신호 서열은 서열번호 1853 또는 1857의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 임의의 서열번호 1850 내지 1852 또는 1856 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열 중 어느 하나를 포함한다.

[0685] 일부 실시형태에서, 암호화된 신호 서열은 서열번호 1853의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하고; 암호화된 GBA 단백질은 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 신호 서열은 암호화된 GBA 단백질에 대해 N-말단에 위치한다.

[0686] 일부 실시형태에서, 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도

70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1851의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1777의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1852의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 70%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 대해 5'에 위치한다.

[0687] ***예시적인 GCase(GBA) 단백질 페이로드***

[0688] 일부 실시형태에서, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈의 페이로드는 GCase 단백질, 예를 들어, 야생형 GCase 단백질 또는 이의 기능적 변이체이다. 일부 실시형태에서, 기능적 변이체는 목적하는 치료적 효과를 달성하기 위해 이의 야생형 대응물의 일부 또는 모든 활성을 유지하는 변이체이다. 예를 들어, 일부 실시형태에서, 기능적 변이체는 장애 또는 병태, 예를 들어, GBA 유전자 산물 결핍, PD 또는 GBA-관련 장애, 신경퇴행성 장애 및/또는 신경근 장애를 치료하기 위한 유전자 요법에 사용하기에 효과적이다. 달리 나타내지 않는 한, 본 명세서에 기재된 바와 같은 GCase 단백질의 변이체(예를 들어, 본 개시내용의 작제물, 벡터, 게놈, 방법, 키트, 조성물 등의 맥락에서)는 기능적 변이체이다.

[0689] 본 명세서에서 사용되는 "감소된 GCase 단백질 수준과 관련된" 또는 "감소된 발현과 관련된"은 하나 이상의 질환의 증상이 표적 조직 또는 혈액과 같은 생물학적 유체에서 정상보다 낮은 GCase 단백질 수준에 의해 야기되는 것을 의미한다. 감소된 GCase 단백질 수준 또는 발현과 관련된 질환 또는 병태는 중추신경계의 장애일 수 있다. 또한, 파킨슨병 및 결함 GBA 유전자 산물의 발현으로부터 발생하는 관련 장애, 예를 들어, GBA 돌연변이와 관련된 PD가 본 명세서에서 구체적으로 상정된다. 이러한 질환 또는 병태는 신경근 또는 신경학적 장애 또는 병태일 수 있다. 예를 들어, 감소된 GCase 단백질 수준과 관련된 질환은 파킨슨병 또는 관련 장애일 수 있거나, 또는 본 명세서에 기재된 또 다른 신경학적 또는 신경근 장애, 예를 들어, GBA 돌연변이와 관련된 PD, 고셔병(GD)(예를 들어, 제1형 GD, 제2형 GD 또는 제3형 GD), 루이소체 치매(DLB), 고셔병(GD), 척수성 근위축증(SMA), 다계통 위축증(MSA) 또는 다발성 경화증(MS)일 수 있다.

[0690] 본 개시내용은 GBA-관련 장애의 치료를 위한 AAV-기반 조성물 및 복합체에 의해 전달될 수 있는 GCase 단백질 관련 치료제를 제공함으로써 새로운 기술에 대한 필요성을 다룬다.

[0691] 전달이 AAV의 맥락에서 예시되지만, 임의의 AAV 혈청형 또는 기타 바이러스 전달 비히클 또는 렌티바이러스 등의 벡터 게놈을 포함하지만 이에 제한되지 않는 다른 바이러스 벡터, 비-바이러스 벡터, 나노입자 또는 리포솜이 치료적 GCase 단백질(들)을 전달하는 데 유사하게 사용될 수 있다. 관찰 및 교시는 본 명세서에 기재된 바와 같은 방식으로 CNS에 도입된 변형된 세포를 포함하는 임의의 거대분자 구조로 확장된다.

[0692] 본 명세서에 개시된 바이러스 게놈에 사용될 수 있고 GCase 단백질 페이로드를 구성할 수 있는 GCase 단백질에 대한 예시적인 폴리뉴클레오타이드 및 폴리펩타이드 서열의 서열 식별자가 표 3에 제공된다. 기능적 변이체, 예를 들어, 표 3에 나타낸 서열과 적어도 약 90% 또는 적어도 95%의 서열 동일성을 유지하는 것이 또한 사용될 수 있다. 일부 실시형태에서, 동일하거나 또는 본질적으로 동일한 GCase 단백질 아미노산 서열(예를 들어, 적어도 약 90% 아미노산 서열 동일성을 갖는 것)을 암호화하는 코돈-최적화된 변이체 및 다른 변이체도 사용될 수 있다.

[0693] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산 또는 이의 기능적 변이체를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 GBA 단백질 또는 이의 기능적 변이체는, 예를 들어, 표 3 또는 표 15에 기재된 바와 같은 본 명세서에 기재된 GBA 단백질로부터의 아미노산 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 GBA 단백질 또는 이의 기능적 변이체는, 예를 들어, 표 3 또는 표 15에 기재된 바와 같은 본 명세서에 기재된 GBA 단백질로부터의 아미노산 서열 또는 임의의 전술한 아미노산 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 GBA 단백질 또는 이의 기능적 변이체는,

예를 들어, 표 3 또는 표 15에 기재된 바와 같은 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화된 아미노산 서열을 포함한다.

[0694] 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 이의 기능적 변이체는, 예를 들어, 표 3 또는 표 15에 기재된 바와 같은 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 이의 기능적 변이체는, 예를 들어, 표 3 또는 표 15에 기재된 바와 같은 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 뉴클레오타이드 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 이들의 기능적 변이체는 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열이다.

표 3

예시적인 GCase 서열

서열번호	유형	종	설명
1740	단백질	*호모 사피엔스*	GBA 단백질 NP_000148.2
1741	DNA	*호모 사피엔스*	GBA mRNA 전사체 변이체 1 NM_000157.4
1742	단백질	*호모 사피엔스*	GBA 단백질 NP_001005741.1
1743	DNA	*호모 사피엔스*	GBA mRNA 전사체 변이체 2 NM_01005741.3
1744	단백질	*호모 사피엔스*	GBA 단백질 NP_001005742.1
1745	DNA	*호모 사피엔스*	GBA mRNA 전사체 변이체 3 NM_001005742.3
1746	단백질	*호모 사피엔스*	GBA 단백질 NP_001165282.1
1747	DNA	*호모 사피엔스*	GBA mRNA 전사체 변이체 4 NM_001171811.2
1748	단백질	*호모 사피엔스*	GBA 단백질 NP_001165283.1
1749	DNA	*호모 사피엔스*	GBA mRNA 전사체 변이체 5 NM_001171812.2

[0695]

표 15

예시적인 GCase 서열

설명	서열	서열 번호
GBA 변이체 1(신호 서열 밑줄 그어짐)-nt	ATGGAATTCTCTAGCCCATCTAGAGAGGAATGTCCTAAGCCTCTGTCAA GAGTGTCCATCATGGCCGGCAGCCTGACAGGCCTGCTGCTGCTGCAGGC CGTGTCCTGGGCCAGTGGAGCCCGGCCCTGCATCCCTAAGTCCTTCGGC TATTCTAGCGTGGTCTGCGTGTGTAATGCCACTTACTGCGACAGCTTCG ACCCTCCTACCTTCCCCGCCCTTGGAACATTCAGCAGATACGAGAGCAC CAGAAGCGGCAGAAGAATGGAACTGAGCATGGGCCCAATCCAGGCCAAC CACACCGGCACCGGCCTGCTGCTGACACTGCAACCTGAGCAGAAGTTCC AGAAGGTGAAGGGATTTGGAGGCGCCATGACCGACGCTGCTGCTCTGAA CATCCTGGCCCTCTCCCCACCTGCTCAGAACCTGCTGCTTAAAAGCTAC TTCAGCGAGGAAGGCATCGGCTATAACATCATCAGAGTGCCCATGGCCA GCTGCGACTTCAGCATCAGAACATACACCTACGCCGATACACCTGATGA CTTCCAACTGCACAACTTCAGCCTGCCTGAAGAGGACACAAAGCTGAAA ATCCCCCTGATCCACCGGGCCCTGCAGCTGGCCCAGAGACCTGTGAGCC TGCTGGCCTCTCCTTGGACAAGCCCCACCTGGCTGAAGACCAATGGAGC TGTGAACGGCAAGGGCAGCCTGAAGGGCCAGCCCGGCGACATCTACCAC CAAACCTGGGCTCGCTACTTCGTGAAATTCCTGGACGCCTACGCTGAGC ATAAGCTGCAATTTTGGGCCGTTACAGCCGAGAACGAGCCTTCTGCCGG CCTGCTGTCTGGATATCCTTTCCAGTGCCTGGGCTTCACCCCTGAGCAC CAGAGAGACTTTATCGCCAGAGATCTGGGGCCTACCCTGGCTAACAGCA	1772

[0696]

	CACACCACAACGTGCGGCTGCTGATGCTGGACGATCAGAGGCTGCTGCT CCCCCACTGGGCCAAGGTGGTGCTGACAGATCCGGAGGCCGCCAAATAC GTGCACGGCATCGCCGTCCACTGGTACCTGGATTTCCTGGCCCCTGCCA AGGCCACCCTGGGCGAGACACATAGACTGTTTCCTAATACCATGCTGTT CGCCAGCGAGGCCTGCGTGGGCAGCAAGTTCTGGGAACAGAGCGTGCGG CTGGGCAGCTGGGACAGAGGAATGCAGTACAGCCACAGCATCATTACCA ACCTGCTGTACCACGTGGTGGGCTGGACCGACTGGAACCTGGCCCTGAA CCCCGAAGGCGGCCCCAACTGGGTGCGGAACTTCGTGGACTCTCCTATC ATCGTGGATATTACCAAGGATACCTTTTACAAGCAGCCTATGTTCTACC ACCTGGGCCACTTCAGCAAGTTCATCCCTGAGGGCTCTCAGCGGGTGGG CCTGGTGGCCTCTCAGAAAAACGACCTGGATGCCGTTGCCCTGATGCAC CCCGACGGCAGCGCCGTGGTGGTCGTCCTGAATAGAAGCTCCAAGGACG TGCCTCTGACCATCAAGGACCCCGCTGTGGGATTTCTGGAAACCATCAG CCCTGGCTACAGCATCCACACCTACCTGTGGCGGCGGCAG	
GBA 변이체 1(신호 서열 없음)-nt	GCCCGGCCCTGCATCCCTAAGTCCTTCGGCTATTCTAGCGTGGTCTGCG TGTGTAATGCCACTTACTGCGACAGCTTCGACCCTCCTACCTTCCCCGC CCTTGGAACATTCAGCAGATACGAGAGCACCAGAAGCGGCAGAAGAATG GAACTGAGCATGGGCCCAATCCAGGCCAACCACACCGGCACCGGCCTGC TGCTGACACTGCAACCTGAGCAGAAGTTCCAGAAGGTGAAGGGATTTGG AGGCGCCATGACCGACGCTGCTGCTCTGAACATCCTGGCCCTCTCCCCA CCTGCTCAGAACCTGCTGCTTAAAAGCTACTTCAGCGAGGAAGGCATCG GCTATAACATCATCAGAGTGCCCATGGCCAGCTGCGACTTCAGCATCAG AACATACACCTACGCCGATACACCTGATGACTTCCAACTGCACAACTTC AGCCTGCCTGAAGAGGACACAAAGCTGAAAATCCCCCTGATCCACCGGG CCCTGCAGCTGGCCCAGAGACCTGTGAGCCTGCTGGCCTCTCCTTGGAC AAGCCCCACCTGGCTGAAGACCAATGGAGCTGTGAACGGCAAGGGCAGC CTGAAGGGCCAGCCCGGCGACATCTACCACCAAACCTGGGCTCGCTACT TCGTGAAATTCCTGGACGCCTACGCTGAGCATAAGCTGCAATTTTGGGC CGTTACAGCCGAGAACGAGCCTTCTGCCGGCCTGCTGTCTGGATATCCT TTCCAGTGCCTGGGCTTCACCCCTGAGCACCAGAGAGACTTTATCGCCA GAGATCTGGGGCCTACCCTGGCTAACAGCACACACCACAACGTGCGGCT GCTGATGCTGGACGATCAGAGGCTGCTGCTCCCCCACTGGGCCAAGGTG GTGCTGACAGATCCGGAGGCCGCCAAATACGTGCACGGCATCGCCGTCC ACTGGTACCTGGATTTCCTGGCCCCTGCCAAGGCCACCCTGGGCGAGAC ACATAGACTGTTTCCTAATACCATGCTGTTCGCCAGCGAGGCCTGCGTG GGCAGCAAGTTCTGGGAACAGAGCGTGCGGCTGGGCAGCTGGGACAGAG GAATGCAGTACAGCCACAGCATCATTACCAACCTGCTGTACCACGTGGT GGGCTGGACCGACTGGAACCTGGCCCTGAACCCCGAAGGCGGCCCCAAC TGGGTGCGGAACTTCGTGGACTCTCCTATCATCGTGGATATTACCAAGG ATACCTTTTACAAGCAGCCTATGTTCTACCACCTGGGCCACTTCAGCAA GTTCATCCCTGAGGGCTCTCAGCGGGTGGGCCTGGTGGCCTCTCAGAAA AACGACCTGGATGCCGTTGCCCTGATGCACCCCGACGGCAGCGCCGTGG TGGTCGTCCTGAATAGAAGCTCCAAGGACGTGCCTCTGACCATCAAGGA CCCCGCTGTGGGATTTCTGGAAACCATCAGCCCTGGCTACAGCATCCAC ACCTACCTGTGGCGGCGGCAG	1773
GBA 변이체 1(신호 서열 및 줄 그어짐)-aa	MEFSSPSREECPKPLSRVSIMAGSLTGLLLLQAVSWASGARPCIPKSFG YSSVVCVCNATYCDSFDPPTFPALGTFSRYESTRSGRRMELSMGPIQAN HTGTGLLLTLQPEQKFQKVKGFGGAMTDAAALNILALSPPAQNLLLKSY FSEEGIGYNIIRVPMASCDFSIRTYTYADTPDDFQLHNFSLPEEDTKLK IPLIHRALQLAQRPVSLLASPWTSPTWLKTNGAVNGKGSLKGQPGDIYH QTWARYFVKFLDAYAEHKLQFWAVTAENEPSAGLLSGYPFQCLGFTPEH QRDFIARDLGPTLANSTHHNVRLLMLDDQRLLLPHWAKVVLTDPEAAKY	1774

[0697]

	VHGIAVHWYLDFLAPAKATLGETHRLFPNTMLFASEACVGSKFWEQSVR LGSWDRGMQYSHSIITNLLYHVVGWTDWNLALNPEGGPNWVRNFVDSPI IVDITKDTFYKQPMFYHLGHFSKFIPEGSQRVGLVASQKNDLDAVALMH PDGSAVVVVLNRSSKDVPLTIKDPAVGFLETISPGYSIHTYLWRRQ	
GBA 변이체 1(신호 서열 없음)-aa	ARPCIPKSFGYSSVVCVCNATYCDSFDPPTFPALGTFSRYESTRSGRRM ELSMGPIQANHTGTGLLLTLQPEQKFQKVKGFGGAMTDAAALNILALSP PAQNLLLKSYFSEEGIGYNIIRVPMASCDFSIRTYTYADTPDDFQLHNF SLPEEDTKLKIPLIHRALQLAQRPVSLLASPWTSPTWLKTNGAVNGKGS LKGQPGDIYHQTWARYFVKFLDAYAEHKLQFWAVTAENEPSAGLLSGYP FQCLGFTPEHQRDFIARDLGPTLANSTHHNVRLLMLDDQRLLLPHWAKV VLTDPEAAKYVHGIAVHWYLDFLAPAKATLGETHRLFPNTMLFASEACV GSKFWEQSVRLGSWDRGMQYSHSIITNLLYHVVGWTDWNLALNPEGGPN WVRNFVDSPIIVDITKDTFYKQPMFYHLGHFSKFIPEGSQRVGLVASQK NDLDAVALMHPDGSAVVVVLNRSSKDVPLTIKDPAVGFLETISPGYSIH TYLWRRQ	1775
GBA 변이체 2(신호 서열 밑줄 그어짐)-nt	ATGGAGTTTTCAAGTCCTTCCAGAGAGGAATGTCCCAAGCCTTTGAGTA GGGTAAGCATCATGGCTGGCAGCCTCACAGGATTGCTTCTACTTCAGGC AGTGTCGTGGGCATCAGGTGCCCGCCCCTGCATCCCTAAAAGCTTCGGC TACAGCTCGGTGGTGTGTGTCTGCAATGCCACATACTGTGACTCCTTTG ACCCCCCGACCTTTCCTGCCCTTGGTACCTTCAGCCGCTATGAGAGTAC ACGCAGTGGGCGACGGATGGAGCTGAGTATGGGGCCCATCCAGGCTAAT CACACGGGCACAGGCCTGCTACTGACCCTGCAGCCAGAACAGAAGTTCC AGAAAGTGAAGGGATTTGGAGGGGCCATGACAGATGCTGCTGCTCTCAA CATCCTTGCCCTGTCACCCCCTGCCCAAAATTTGCTACTTAAATCGTAC TTCTCTGAAGAAGGAATCGGATATAACATCATCCGGGTACCCATGGCCA GCTGTGACTTCTCCATCCGCACCTACACCTATGCAGACACCCCTGATGA TTTCCAGTTGCACAACTTCAGCCTCCCAGAGGAAGATACCAAGCTCAAG ATACCCCTGATTCACCGAGCCCTGCAGTTGGCCCAGCGTCCCGTTTCAC TCCTTGCCAGCCCCTGGACATCACCCACTTGGCTCAAGACCAATGGAGC GGTGAATGGGAAGGGGTCACTCAAGGGACAGCCCGGAGACATCTACCAC CAGACCTGGGCCAGATACTTTGTGAAGTTCCTGGATGCCTATGCTGAGC ACAAGTTACAGTTCTGGGCAGTGACAGCTGAAAATGAGCCTTCTGCTGG GCTGTTGAGTGGATACCCCTTCCAGTGCCTGGGCTTCACCCCTGAACAT CAGCGAGACTTCATTGCCCGTGACCTAGGTCCTACCCTCGCCAACAGTA CTCACCACAATGTCCGCCTACTCATGCTGGATGACCAACGCTTGCTGCT GCCCCACTGGGCAAAGGTGGTACTGACAGACCCAGAAGCAGCTAAATAT GTTCATGGCATTGCTGTACATTGGTACCTGGACTTTCTGGCTCCAGCCA AAGCCACCCTAGGGGAGACACACCGCCTGTTCCCCAACACCATGCTCTT TGCCTCAGAGGCCTGTGTGGGCTCCAAGTTCTGGGAGCAGAGTGTGCGG CTAGGCTCCTGGGATCGAGGGATGCAGTACAGCCACAGCATCATCACGA ACCTCCTGTACCATGTGGTCGGCTGGACCGACTGGAACCTTGCCCTGAA CCCCGAAGGAGGACCCAATTGGGTGCGTAACTTTGTCGACAGTCCCATC ATTGTAGACATCACCAAGGACACGTTTTACAAACAGCCCATGTTCTACC ACCTTGGCCACTTCAGCAAGTTCATTCCTGAGGGCTCCCAGAGAGTGGG GCTGGTTGCCAGTCAGAAGAACGACCTGGACGCAGTGGCACTGATGCAT CCCGATGGCTCTGCTGTTGTGGTCGTGCTAAACCGCTCCTCTAAGGATG TGCCTCTTACCATCAAGGATCCTGCTGTGGGCTTCCTGGAGACAATCTC ACCTGGCTACTCCATTCACACCTACCTGTGGCGTCGCCAG	1776
GBA 변이체 2(신호 서열 없음)-nt	GCCCGCCCCTGCATCCCTAAAAGCTTCGGCTACAGCTCGGTGGTGTGTG TCTGCAATGCCACATACTGTGACTCCTTTGACCCCCCGACCTTTCCTGC CCTTGGTACCTTCAGCCGCTATGAGAGTACACGCAGTGGGCGACGGATG	1777

[0698]

	GAGCTGAGTATGGGGCCCATCCAGGCTAATCACACGGGCACAGGCCTGC TACTGACCCTGCAGCCAGAACAGAAGTTCCAGAAAGTGAAGGGATTTGG AGGGGCCATGACAGATGCTGCTGCTCTCAACATCCTTGCCCTGTCACCC CCTGCCCAAAATTTGCTACTTAAATCGTACTTCTCTGAAGAAGGAATCG GATATAACATCATCCGGGTACCCATGGCCAGCTGTGACTTCTCCATCCG CACCTACACCTATGCAGACACCCCTGATGATTTCCAGTTGCACAACTTC AGCCTCCCAGAGGAAGATACCAAGCTCAAGATACCCCTGATTCACCGAG CCCTGCAGTTGGCCCAGCGTCCCGTTTCACTCCTTGCCAGCCCCTGGAC ATCACCCACTTGGCTCAAGACCAATGGAGCGGTGAATGGGAAGGGGTCA CTCAAGGGACAGCCCGGAGACATCTACCACCAGACCTGGGCCAGATACT TTGTGAAGTTCCTGGATGCCTATGCTGAGCACAAGTTACAGTTCTGGGC AGTGACAGCTGAAAATGAGCCTTCTGCTGGGCTGTTGAGTGGATACCCC TTCCAGTGCCTGGGCTTCACCCCTGAACATCAGCGAGACTTCATTGCCC GTGACCTAGGTCCTACCCTCGCCAACAGTACTCACCACAATGTCCGCCT ACTCATGCTGGATGACCAACGCTTGCTGCTGCCCCACTGGGCAAAGGTG GTACTGACAGACCCAGAAGCAGCTAAATATGTTCATGGCATTGCTGTAC ATTGGTACCTGGACTTTCTGGCTCCAGCCAAAGCCACCCTAGGGGAGAC ACACCGCCTGTTCCCCAACACCATGCTCTTTGCCTCAGAGGCCTGTGTG GGCTCCAAGTTCTGGGAGCAGAGTGTGCGGCTAGGCTCCTGGGATCGAG GGATGCAGTACAGCCACAGCATCATCACGAACCTCCTGTACCATGTGGT CGGCTGGACCGACTGGAACCTTGCCCTGAACCCCGAAGGAGGACCCAAT TGGGTGCGTAACTTTGTCGACAGTCCCATCATTGTAGACATCACCAAGG ACACGTTTTACAAACAGCCCATGTTCTACCACCTTGGCCACTTCAGCAA GTTCATTCCTGAGGGCTCCCAGAGAGTGGGGCTGGTTGCCAGTCAGAAG AACGACCTGGACGCAGTGGCACTGATGCATCCCGATGGCTCTGCTGTTG TGGTCGTGCTAAACCGCTCCTCTAAGGATGTGCCTCTTACCATCAAGGA TCCTGCTGTGGGCTTCCTGGAGACAATCTCACCTGGCTACTCCATTCAC ACCTACCTGTGGCGTCGCCAG	
GBA 변이체 2(신호 서열 밑줄 그어짐)-aa	MEFSSPSREECPKPLSRVSIMAGSLTGLLLLQAVSWASGARPCIPKSFG YSSVVCVCNATYCDSFDPPTFPALGTFSRYESTRSGRRMELSMGPIQAN HTGTGLLLTLQPEQKFQKVKGFGGAMTDAAALNILALSPPAQNLLLKSY FSEEGIGYNIIRVPMASCDFSIRTYTYADTPDDFQLHNFSLPEEDTKLK IPLIHRALQLAQRPVSLLASPWTSPTWLKTNGAVNGKGSLKGQPGDIYH QTWARYFVKFLDAYAEHKLQFWAVTAENEPSAGLLSGYPFQCLGFTPEH QRDFIARDLGPTLANSTHHNVRLLMLDDQRLLLPHWAKVVLTDPEAAKY VHGIAVHWYLDFLAPAKATLGETHRLFPNTMLFASEACVGSKFWEQSVR LGSWDRGMQYSHSIITNLLYHVVGWTDWNLALNPEGGPNWVRNFVDSPI IVDITKDTFYKQPMFYHLGHFSKFIPEGSQRVGLVASQKNDLDAVALMH PDGSAVVVVLNRSSKDVPLTIKDPAVGFLETISPGYSIHTYLWRRQ	1778
GBA 변이체 2(신호 서열 없음)-aa	ARPCIPKSFGYSSVVCVCNATYCDSFDPPTFPALGTFSRYESTRSGRRM ELSMGPIQANHTGTGLLLTLQPEQKFQKVKGFGGAMTDAAALNILALSP PAQNLLLKSYFSEEGIGYNIIRVPMASCDFSIRTYTYADTPDDFQLHNF SLPEEDTKLKIPLIHRALQLAQRPVSLLASPWTSPTWLKTNGAVNGKGS LKGQPGDIYHQTWARYFVKFLDAYAEHKLQFWAVTAENEPSAGLLSGYP FQCLGFTPEHQRDFIARDLGPTLANSTHHNVRLLMLDDQRLLLPHWAKV VLTDPEAAKYVHGIAVHWYLDFLAPAKATLGETHRLFPNTMLFASEACV GSKFWEQSVRLGSWDRGMQYSHSIITNLLYHVVGWTDWNLALNPEGGPN WVRNFVDSPIIVDITKDTFYKQPMFYHLGHFSKFIPEGSQRVGLVASQK NDLDAVALMHPDGSAVVVVLNRSSKDVPLTIKDPAVGFLETISPGYSIH TYLWRRQ	1779
GBA 변이체 3(신호 서열	atggaattcagcagccccagcagagaggaatgccccaagcctctgagcc gggtgtcaatcatggccggatctctgacaggactgctgctgcttcaggc	1780

[0699]

밑줄 그어짐)-nt	cgtgtcttgggcttctggcgctagaccttgcatccccaagagcttcggc tacagcagcgtcgtgtgcgtgtgcaatgccacctactgcgacagcttcg accctcctacctttcctgctctgggcaccttcagcagatacgagagcac cagatccggcagacggatggaactgagcatgggacccatccaggccaat cacacaggcactggcctgctgctgacactgcagcctgagcagaaattcc agaaagtgaaaggcttcggcggagccatgacagatgccgccgctctgaa tatcctggctctgtctccaccagctcagaacctgctgctcaagagctac ttcagcgaggaaggcatcggctacaacatcatcagagtgcccatggcca gctgcgacttcagcatcaggacctacacctacgccgacacacccgacga tttccagctgcacaacttcagcctgcctgaagaggacaccaagctgaag atccctctgatccacagagccctgcagctggcacaaagacccgtgtcac tgctggcctctccatggacatctcccacctggctgaaaacaaatggcgc cgtgaatggcaagggcagcctgaaaggccaacctggcgacatctaccac cagacctgggccagatacttcgtgaagttcctggacgcctatgccgagc acaagctgcagttttgggccgtgacagccgagaacgaaccttctgctgg actgctgagcggctacccctttcagtgcctgggctttacacccgagcac cagcgggactttatcgcccgtgatctgggacccacactggccaatagca cccaccataatgtgcggctgctgatgctggacgaccagagactgcttct gccccactgggctaaagtggtgctgacagatcctgaggccgccaaatac gtgcacggaatcgccgtgcactggtatctggactttctggcccctgcca aggccacactgggagagacacacagactgttccccaacaccatgctgtt cgccagcgaagcctgtgtgggcagcaagttttgggaacagagcgtgcgg ctcggcagctgggatagaggcatgcagtacagccacagcatcatcacca acctgctgtaccacgtcgtcggctggaccgactggaatctggccctgaa tcctgaaggcggccctaactgggtccgaaacttcgtggacagccccatc atcgtggacatcaccaaggacaccttctacaagcagcccatgttctacc acctgggacacttcagcaagttcatccccgagggctctcagcgcgttgg actggtggcttcccagaagaacgatctggacgccgtggctctgatgcac cctgatggatctgctgtggtggtggtcctgaaccgcagcagcaaagatg tgcccctgaccatcaaggatcccgccgtgggattcctggaaacaatcag ccctggctactccatccacacctacctgtggcgtagacag	
GBA 변이체 3(신호 서열 없음)-nt	gctagaccttgcatccccaagagcttcggctacagcagcgtcgtgtgcg tgtgcaatgccacctactgcgacagcttcgaccctcctacctttcctgc tctgggcaccttcagcagatacgagagcaccagatccggcagacggatg gaactgagcatgggacccatccaggccaatcacacaggcactggcctgc tgctgacactgcagcctgagcagaaattccagaaagtgaaaggcttcgg cggagccatgacagatgccgccgctctgaatatcctggctctgtctcca ccagctcagaacctgctgctcaagagctacttcagcgaggaaggcatcg gctacaacatcatcagagtgcccatggccagctgcgacttcagcatcag gacctacacctacgccgacacacccgacgatttccagctgcacaacttc agcctgcctgaagaggacaccaagctgaagatccctctgatccacagag ccctgcagctggcacaaagacccgtgtcactgctggcctctccatggac atctcccacctggctgaaaacaaatggcgccgtgaatggcaagggcagc ctgaaaggccaacctggcgacatctaccaccagacctgggccagatact tcgtgaagttcctggacgcctatgccgagcacaagctgcagttttgggc cgtgacagccgagaacgaaccttctgctggactgctgagcggctacccc tttcagtgcctgggctttacacccgagcaccagcgggactttatcgccc gtgatctgggacccacactggccaatagcacccaccataatgtgcggct gctgatgctggacgaccagagactgcttctgccccactgggctaaagtg gtgctgacagatcctgaggccgccaaatacgtgcacggaatcgccgtgc actggtatctggactttctggcccctgccaaggccacactgggagagac acacagactgttccccaacaccatgctgttcgccagcgaagcctgtgtg ggcagcaagttttgggaacagagcgtgcggctcggcagctgggatagag	1781

[0700]

	gcatgcagtacagccacagcatcatcaccaacctgctgtaccacgtcgt cggctggaccgactggaatctggccctgaatcctgaaggcggccctaac tgggtccgaaacttcgtggacagccccatcatcgtggacatcaccaagg acaccttctacaagcagcccatgttctaccacctgggacacttcagcaa gttcatccccgagggctctcagcgcgttggactggtggcttcccagaag aacgatctggacgccgtggctctgatgcaccctgatggatctgctgtgg tggtggtcctgaaccgcagcagcaaagatgtgcccctgaccatcaagga tcccgccgtgggattcctggaaacaatcagccctggctactccatccac acctacctgtggcgtagacag	
GBA 변이체 3(신호 서열 밑줄 그어짐)-aa	MEFSSPSREECPKPLSRVSIMAGSLTGLLLLQAVSWASGARPCIPKSFG YSSVVCVCNATYCDSFDPPTFPALGTFSRYESTRSGRRMELSMGPIQAN HTGTGLLLTLQPEQKFQKVKGFGGAMTDAAALNILALSPPAQNLLLKSY FSEEGIGYNIIRVPMASCDFSIRTYTYADTPDDFQLHNFSLPEEDTKLK IPLIHRALQLAQRPVSLLASPWTSPTWLKTNGAVNGKGSLKGQPGDIYH QTWARYFVKFLDAYAEHKLQFWAVTAENEPSAGLLSGYPFQCLGFTPEH QRDFIARDLGPTLANSTHHNVRLLMLDDQRLLLPHWAKVVLTDPEAAKY VHGIAVHWYLDFLAPAKATLGETHRLFPNTMLFASEACVGSKFWEQSVR LGSWDRGMQYSHSIITNLLYHVVGWTDWNLALNPEGGPNWVRNFVDSPI IVDITKDTFYKQPMFYHLGHFSKFIPEGSQRVGLVASQKNDLDAVALMH PDGSAVVVVLNRSSKDVPLTIKDPAVGFLETISPGYSIHTYLWRRQ	1782
GBA 변이체 3(신호 서열 없음)-aa	ARPCIPKSFGYSSVVCVCNATYCDSFDPPTFPALGTFSRYESTRSGRRM ELSMGPIQANHTGTGLLLTLQPEQKFQKVKGFGGAMTDAAALNILALSP PAQNLLLKSYFSEEGIGYNIIRVPMASCDFSIRTYTYADTPDDFQLHNF SLPEEDTKLKIPLIHRALQLAQRPVSLLASPWTSPTWLKTNGAVNGKGS LKGQPGDIYHQTWARYFVKFLDAYAEHKLQFWAVTAENEPSAGLLSGYP FQCLGFTPEHQRDFIARDLGPTLANSTHHNVRLLMLDDQRLLLPHWAKV VLTDPEAAKYVHGIAVHWYLDFLAPAKATLGETHRLFPNTMLFASEACV GSKFWEQSVRLGSWDRGMQYSHSIITNLLYHVVGWTDWNLALNPEGGPN WVRNFVDSPIIVDITKDTFYKQPMFYHLGHFSKFIPEGSQRVGLVASQK NDLDAVALMHPDGSAVVVVLNRSSKDVPLTIKDPAVGFLETISPGYSIH TYLWRRQ	1783

[0701]

[0702] 일부 실시형태에서, 암호화된 GBA 단백질 또는 이의 기능적 변이체는 서열번호 1740, 1742, 1744, 1746, 1748, 1774, 1775, 1778, 1779, 1782 또는 1783 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 GBA 단백질 또는 이의 기능적 변이체는 서열번호 1740, 1742, 1744, 1746, 1748, 1774, 1775, 1778, 1779, 1782 또는 1783 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 임의의 전술한 아미노산 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 GBA 단백질 또는 이의 기능적 변이체는 임의의 서열번호 1741, 1743, 1744, 1745, 1747, 1749, 1772, 1773, 1776, 1777, 1780 또는 1781의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화되는 아미노산 서열을 포함한다.

[0703] 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 이의 기능적 변이체는 서열번호 1741, 1743, 1744, 1745, 1747, 1749, 1772, 1773, 1776, 1777, 1780 또는 1781 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, GBA 단백질 또는 이의 기능적 변이체를 암호화하는 핵산 서열은 서열번호 1741, 1743, 1744, 1745, 1747, 1749, 1772, 1773, 1776, 1777, 1780 또는 1781 중 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 뉴클레오타이드 서열에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 이의 기능적 변이체는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열, 서열번호 1773과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 이들의 기능적 변이체는 종결 코돈을 포함하지 않는다. 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열 또는 이의 기능적 변이체는 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열이다.

[0704] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 서열번호 1773)은 공여체 스플라이스 부위, 예를 들어, AGGGTAAGC의 서열 또는, 예를 들어, 적어도 1개, 2개, 3개 또는 4개의 변형, 예를 들어, AGGGTAAGC의 뉴클레오타이드 서열에 대한 돌연변이를 포함하는 AGAGTGTCC의 뉴클레오타이드 서열을 갖는 서열번호 1776의 뉴클레오타이드 서열에 따라 넘버링된 117개 중 49개의 뉴클레

오타이드, 또는 서열번호 1776의 뉴클레오타이드 서열에 따라 넘버링된 117개 중 49개의 뉴클레오타이드를 포함하는 뉴클레오타이드 서열을 대체한다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 서열번호 1773)은 서열번호 1776의 뉴클레오타이드 서열과 비교하여 121개, 122개, 123개, 124개, 125개, 126개, 127개, 128개, 129개, 130개, 131개, 132개, 133개, 134개, 135개, 136개, 137개, 138개, 139개, 140개 초과 또는 그 이상의 고유한 변형, 예를 들어, 돌연변이를 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질의 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 서열번호 1773)은 고유한 GC 함량 프로파일을 포함한다. 이론에 얽매이지 않고, 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질의 뉴클레오타이드 서열의 GC-함량을 변경하는 것은 세포(예를 들어, 인간 세포 또는 뉴런 세포)에서 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열의 발현을 향상시키는 것으로 여겨진다.

[0705] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 GCase 단백질을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 암호화된 GCase 단백질은 인간, 비인간 영장류 또는 설치류와 같지만 이에 제한되지 않는 임의의 종으로부터 유래될 수 있다.

[0706] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 인간(호모 사피엔스) GCase 단백질 또는 이들의 변이체를 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다.

[0707] 본 명세서의 개시내용의 다양한 실시형태는 바이러스 게놈을 포함하는 아데노-관련 바이러스(AAV) 입자를 제공하며, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 3에 제공된 바와 같은 인간 GCase 단백질 서열 또는 이의 단편에 대해 적어도 90%의 서열 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 3에 제공된 바와 같은 GCase 단백질 서열 또는 이의 단편에 대해 적어도 95%의 서열 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 3에 제공된 바와 같은 GCase 단백질 서열 또는 이의 단편에 대해 적어도 98%의 서열 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 3에 제공된 바와 같은 GCase 단백질 서열 또는 이의 단편에 대해 적어도 99%의 서열 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 3에 제공된 GCase 단백질 서열 또는 이의 단편을 암호화하는 핵산 서열을 포함한다.

[0708] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 고셔병 치료에 사용하기 위한 재조합 GCase인 이미글루세레이스(Cerezyme)(젠자임 코포레이션(Genzyme Corp.)); 고셔병 치료에 사용하기 위한 재조합 GCase인 베라글루세레이스(Vpriv)(샤이어 휴먼 제네틱 테라피스 인크.(Shire Human Genetic Therapies Inc.)); 또는 고셔병 치료에 사용하기 위한 재조합 GCase인 탈리글루세레이스 알파(Elelyso)(화이자 인크.(Pfizer Inc.))를 기술하고 있는 각각 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제8227230호, 미국 특허 제8741620호 또는 미국 특허 제8790641호에 따른 재조합 글루코세레브로시데이스를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다.

[0709] 일부 실시형태에서, GCase 단백질은 사이노몰구스 원숭이, 마카카 파스시쿨라리스와 같은 비인간 영장류의 서열을 암호화하는 GBA 단백질로부터 유래된다. 소정의 실시형태는 마카카 파스시쿨라리스 서열의 인간화된 버전으로서 GCase 단백질을 제공한다.

[0710] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 사이노몰구스 또는 게먹이(긴꼬리원숭이과) 마카크(마카카 파스시쿨라리스) GCase 단백질 또는 이들의 변이체를 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다.

[0711] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 레서스 마카크(마카카 물라타) GCase 단백질 또는 이들의 변이체를 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다.

[0712] 일부 실시형태에서, GCase 단백질은 위에서 기재되고 표 3에 제공된 임의의 것과 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함할 수 있다.

[0713] 일부 실시형태에서, GCase 단백질은 위에서 기재되고 표 3에 제공된 임의의 것과 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 동일성을 갖는 핵산 서열에 의해 암호화될 수 있다.

[0714] 본 명세서에 기재된 바와 같은 GCase 단백질 페이로드는 임의의 GCase 단백질 또는 GCase 단백질의 임의의 부분

또는 유도체를 암호화할 수 있고, 표 3에 제공된 GCase 단백질 또는 단백질-암호화 서열에 제한되지 않는다.

[0715] ***페이로드 구성요소: 강화 요소***

[0716] 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈은 강화 요소 또는 이의 기능적 변이체를 포함한다. 일부 실시형태에서, 암호화된 강화 효소는 프로사포신(PSAP) 단백질, 사포신 C(SapC) 단백질 또는 이들의 기능적 변이체; 세포 침투 펩타이드(예를 들어, ApoEII 펩타이드, TAT 펩타이드 및/또는 ApoB 펩타이드) 또는 이들의 기능적 변이체; 또는 라이소솜 표적화 신호 또는 이들의 기능적 변이체를 포함한다.

[0717] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은, 예를 들어, 본 명세서, 예를 들어, 표 4 또는 표 16에 기재된 바와 같은 프로사포신(PSAP) 단백질 또는 사포신 C(SapC) 단백질 또는 이들의 기능적 변이체를 추가로 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다.

표 4

예시적인 PSAP 및 사포신 서열

서열 번호	유형	종	설명
1750	단백질	*호모 사피엔스*	프로사포신 동형 A 전구 단백질, NP_002769.1
1751	DNA	*호모 사피엔스*	PSAP 전사체 변이체 1, NM_002778.4
1752	단백질	*호모 사피엔스*	프로사포신 동형 B 전구 단백질, NP_001035930.1
1753	DNA	*호모 사피엔스*	PSAP 전사체 변이체 2, NM_001042465.3
1754	단백질	*호모 사피엔스*	프로사포신 동형 C 전구 단백질, NP_001035931.1
1755	DNA	*호모 사피엔스*	PSAP 전사체 변이체 3, NM_001042466.3
1756	단백질	*호모 사피엔스*	hSapA, 서열번호 1750 의 60 번 내지 140 번 아미노산: SLPCDICKDVVTAAGDMLKDNATEEEILVYLEKTCDWLPKPNMSASCK EIVDSYLPVILDIIKGEMSRPGEVCSALNLCES
1757	단백질	*호모 사피엔스*	hSapB, 서열번호 1750 의 195 번 내지 275 번 아미노산: GDVCQDCIQMVTDIQTAVRTNSTFVQALVEHVKEECDRLGPGMADICK NYISQYSEIAIQMMMHMQPKEICALVGFCDEVK
1758	단백질	*호모 사피엔스*	hSapC, 서열번호 1750 의 311 번 내지 390 번 아미노산: SDVYCEVCEFLVKEVTKLIDNNKTEKEILDAFDKMCSKLPKSLSEECQ EVVDTYGSSILSILLEEVSPELVCSMLHLCSG
1784	단백질	*호모 사피엔스*	hSapD, 서열번호 1750 의 405 번 내지 486 아미노산: DGGFCEVCKKLVGYLDRNLEKNSTKQEILAALEKGCSFLPDPYQKQCDQ FVAEYEPVLIEILVEVMDPSFVCLKIGACPSAH
1856	DNA	*호모 사피엔스*	신호 서열 atgtacgccctcttcctcctggccagcctcctgggcgcggctctagcc
1857	단백질	*호모 사피엔스*	신호 서열 MYALFLLASLLGAALA

[0718]

표 16

예시적인 강화 요소

설명	서열	서열 번호
PSAP 또는 사포신		
PSAP (신호 서열 밑줄 그어짐)-nt	atgtacgccctcttcctcctggccagcctcctgggcgcggctctagc ccggcccggtccttggactgaaagaatgcaccaggggctcggcagtgt ggtgccagaatgtgaagacggcgtccgactgcggggcagtgaagcac tgcctgcagaccgtttggaacaagccaacagtgaaatcccttccctg cgacatatgcaaagacgttgtcaccgcagctggtgatatgctgaagg acaatgccactgaggaggagatccttgtttacttggagaagacctgt gactggcttccgaaaccgaacatgtctgcttcatgcaaggagatagt ggactcctacctccctgtcatcctggacatcattaaaggagaaatga gccgtcctggggaggtgtgctctgctctcaacctctgcgagtctctc cagaagcacctagcagagctgaatcaccagaagcagctggagtccaa taagatcccagagctggacatgactgaggtggtggccccttcatgg ccaacatccctctcctcctctaccctcaggacggcccccgcagcaag ccccagccaaaggataatggggacgtttgccaggactgcattcagat ggtgactgacatccagactgctgtacggaccaactccacctttgtcc aggccttggtggaacatgtcaaggaggagtgtgaccgcctgggccct ggcatggccgacatatgcaagaactatatcagccagtattctgaaat tgctatccagatgatgatgcacatgcaacccaaggagatctgtgcgc tggttgggttctgtgatgaggtgaaagagatgcccatgcagactctg gtccccgccaaagtggcctccaagaatgtcatccctgccctggaact ggtggagcccattaagaagcacgaggtcccagcaaagtctgatgttt actgtgaggtgtgtgaattcctggtgaaggaggtgaccaagctgatt gacaacaacaagactgagaaagaaatactcgacgcttttgacaaaat gtgctcgaagctgccgaagtccctgtcggaagagtgccaggaggtgg tggacacgtacggcagctccatcctgtccatcctgctggaggaggtc agccctgagctggtgtgcagcatgctgcacctctgctctggcacgcg gctgcctgcactgaccgttcacgtgactcagccaaaggacggtggct tctgcgaagtgtgcaagaagctggtgggttatttggatcgcaacctg gagaaaaacagcaccaagcaggagatcctggctgctcttgagaaagg ctgcagcttcctgccagacccttaccagaagcagtgtgatcagtttg tggcagagtacgagcccgtgctgatcgagatcctggtggaggtgatg gatccttccttcgtgtgcttgaaaattggagcctgcccctcggccca taagcccttgttgggaactgagaagtgtatatggggcccaagctact ggtgccagaacacagagacagcagcccagtgcaatgctgtcgagcat tgcaaacgccatgtgtggaactag	1858
PSAP (신호 서열 없음)-nt	ggcccggtccttggactgaaagaatgcaccaggggctcggcagtgtg gtgccagaatgtgaagacggcgtccgactgcggggcagtgaagcact gcctgcagaccgtttggaacaagccaacagtgaaatcccttccctgc gacatatgcaaagacgttgtcaccgcagctggtgatatgctgaagga caatgccactgaggaggagatccttgtttacttggagaagacctgtg actggcttccgaaaccgaacatgtctgcttcatgcaaggagatagtg gactcctacctccctgtcatcctggacatcattaaaggagaaatgag ccgtcctggggaggtgtgctctgctctcaacctctgcgagtctctcc agaagcacctagcagagctgaatcaccagaagcagctggagtccaat aagatcccagagctggacatgactgaggtggtggcccccttcatggc caacatccctctcctcctctaccctcaggacggcccccgcagcaagc cccagccaaaggataatggggacgtttgccaggactgcattcagatg	1859

[0719]

	gtgactgacatccagactgctgtacggaccaactccacctttgtcca ggccttggtggaacatgtcaaggaggagtgtgaccgcctgggccctg gcatggccgacatatgcaagaactatatcagccagtattctgaaatt gctatccagatgatgatgcacatgcaacccaaggagatctgtgcgct ggttgggttctgtgatgaggtgaaagagatgcccatgcagactctgg tccccgccaaagtggcctccaagaatgtcatccctgccctggaactg gtggagcccattaagaagcacgaggtcccagcaaagtctgatgttta ctgtgaggtgtgtgaattcctggtgaaggaggtgaccaagctgattg acaacaacaagactgagaaagaaatactcgacgcttttgacaaaatg tgctcgaagctgccgaagtccctgtcggaagagtgccaggaggtggt ggacacgtacggcagctccatcctgtccatcctgctggaggaggtca gccctgagctggtgtgcagcatgctgcacctctgctctggcacgcgg ctgcctgcactgaccgttcacgtgactcagccaaaggacggtggctt ctgcgaagtgtgcaagaagctggtgggttatttggatcgcaacctgg agaaaaacagcaccaagcaggagatcctggctgctcttgagaaaggc tgcagcttcctgccagacccttaccagaagcagtgtgatcagtttgt ggcagagtacgagcccgtgctgatcgagatcctggtggaggtgatgg atccttccttcgtgtgcttgaaaattggagcctgcccctcggcccat aagcccttgttgggaactgagaagtgtatatggggcccaagctactg gtgccagaacacagagacagcagcccagtgcaatgctgtcgagcatt gcaaacgccatgtgtggaactag	
PSAP (신호 서열 밑줄 그어짐)-aa	MYALFLLASLLGAALAGPVLGLKECTRGSAVWCQNVKTASDCGAVKH CLQTVWNKPTVKSLPCDICKDVVTAAGDMLKDNATEEEILVYLEKTC DWLPKPNMSASCKEIVDSYLPVILDIIKGEMSRPGEVCSALNLCESL QKHLAELNHQKQLESNKIPELDMTEVVAPFMANIPLLLYPQDGPRSK PQPKDNGDVCQDCIQMVTDIQTAVRTNSTFVQALVEHVKEECDRLGP GMADICKNYISQYSEIAIQMMMHMQPKEICALVGFCDEVKEMPMQTL VPAKVASKNVIPALELVEPIKKHEVPAKSDVYCEVCEFLVKEVTKLI DNNKTEKEILDAFDKMCSKLPKSLSEECQEVVDTYGSSILSILLEEV SPELVCSMLHLCSGTRLPALTVHVTQPKDGGFCEVCKKLVGYLDRNL EKNSTKQEILAALEKGCSFLPDPYQKQCDQFVAEYEPVLIEILVEVM DPSFVCLKIGACPSAHKPLLGTEKCIWGPSYWCQNTETAAQCNAVEH CKRHVWN	1750
PSAP (신호 서열 없음)	GPVLGLKECTRGSAVWCQNVKTASDCGAVKHCLQTVWNKPTVKSLPC DICKDVVTAAGDMLKDNATEEEILVYLEKTCDWLPKPNMSASCKEIV DSYLPVILDIIKGEMSRPGEVCSALNLCESLQKHLAELNHQKQLESN KIPELDMTEVVAPFMANIPLLLYPQDGPRSKPQPKDNGDVCQDCIQM VTDIQTAVRTNSTFVQALVEHVKEECDRLGPGMADICKNYISQYSEI AIQMMMHMQPKEICALVGFCDEVKEMPMQTLVPAKVASKNVIPALEL VEPIKKHEVPAKSDVYCEVCEFLVKEVTKLIDNNKTEKEILDAFDKM CSKLPKSLSEECQEVVDTYGSSILSILLEEVSPELVCSMLHLCSGTR LPALTVHVTQPKDGGFCEVCKKLVGYLDRNLEKNSTKQEILAALEKG CSFLPDPYQKQCDQFVAEYEPVLIEILVEVMDPSFVCLKIGACPSAH KPLLGTEKCIWGPSYWCQNTETAAQCNAVEHCKRHVWN	1785
SAPC (신호 서열 밑줄 그어짐)-nt	atgtacgccctcttcctcctggccagcctcctgggcgcggctctagc cgtgaaagagatgcccatgcagactctggtccccgccaaagtggcct ccaagaatgtcatccctgccctggaactggtggagcccattaagaag cacgaggtcccagcaaagtctgatgtttactgtgaggtgtgtgaatt cctggtgaaggaggtgaccaagctgattgacaacaacaagactgaga aagaaatactcgacgcttttgacaaaatgtgctcgaagctgccgaag tccctgtcggaagagtgccaggaggtggtggacacgtacggcagctc catcctgtccatcctgctggaggaggtcagccctgagctggtgtgca gcatgctgcacctctgctctggc	1786

[0720]

SAPC (신호 서열 없음)-nt	gtgaaagagatgcccatgcagactctggtccccgccaaagtggcctc caagaatgtcatccctgccctggaactggtggagcccattaagaagc acgaggtcccagcaaagtctgatgtttactgtgaggtgtgtgaattc ctggtgaaggaggtgaccaagctgattgacaacaacaagactgagaa agaaatactcgacgcttttgacaaaatgtgctcgaagctgccgaagt ccctgtcggaagagtgccaggaggtggtggacacgtacggcagctcc atcctgtccatcctgctggaggaggtcagccctgagctggtgtgcag catgctgcacctctgctctggc	1787
SAPC (신호 서열 밑줄 그어짐)-aa	MYALFLLASLLGAALAVKEMPMQTLVPAKVASKNVIPALELVEPIKK HEVPAKSDVYCEVCEFLVKEVTKLIDNNKTEKEILDAFDKMCSKLPK SLSEECQEVVDTYGSSILSILLEEVSPELVCSMLHLCSG	1788
SAPC (신호 서열 없음)-aa	VKEMPMQTLVPAKVASKNVIPALELVEPIKKHEVPAKSDVYCEVCEF LVKEVTKLIDNNKTEKEILDAFDKMCSKLPKSLSEECQEVVDTYGSS ILSILLEEVSPELVCSMLHLCSG	1789
SAPCv2 (신호 서열 밑줄 그어짐)-nt	atgtacgccctcttcctcctggccagcctcctgggcgcggctctagc ctctgatgtttactgtgaggtgtgtgaattcctggtgaaggaggtga ccaagctgattgacaacaacaagactgagaaagaaatactcgacgct ttgacaaaatgtgctcgaagctgccgaagtccctgtcggaagagtg ccaggaggtggtggacacgtacggcagctccatcctgtccatcctgc tggaggaggtcagccctgagctggtgtgcagcatgctgcacctctgc tctggc	1790
SAPCv2 (신호 서열 없음)-nt	tctgatgtttactgtgaggtgtgtgaattcctggtgaaggaggtgac caagctgattgacaacaacaagactgagaaagaaatactcgacgctt ttgacaaaatgtgctcgaagctgccgaagtccctgtcggaagagtgc caggaggtggtggacacgtacggcagctccatcctgtccatcctgct ggaggaggtcagccctgagctggtgtgcagcatgctgcacctctgct ctggc	1791
SAPCv2 (신호 서열 밑줄 그어짐)-aa	MYALFLLASLLGAALASDVYCEVCEFLVKEVTKLIDNNKTEKEILDA FDKMCSKLPKSLSEECQEVVDTYGSSILSILLEEVSPELVCSMLHLC SG	1792
SAPCv2 (신호 서열 없음) -aa	SDVYCEVCEFLVKEVTKLIDNNKTEKEILDAFDKMCSKLPKSLSEEC QEVVDTYGSSILSILLEEVSPELVCSMLHLCSG	1758
세포 침투 펩타이드		
TAT – nt	tatggcaggaaaaagcggaggcaaaggcgccgccccccccag	1793
TAT – aa	YGRKKRRQRRRPPQ	1794
ApoB – nt	tccgtaatcgacgccttacagtataagctggagggaaccaccagatt gacaaggaaacgagggcttaagcttgctactgcactatccctgagca ataaattt	1795
ApoB – aa	SVIDALQYKLEGTTRLTRKRGLKLATALSLSNKF	1796
ApoEII – nt	ctacggaagctgcggaagcggctactgctgcggaaacttcggaaacg gctactg	1797
ApoEII – aa	LRKLRKRLLLRKLRKRLL	1798
리보솜 표적화 서열(LTS)		
LTS1 – nt	aagtttgaaagacag	1799
LTS1 – aa	KFERQ	1800
LTS2 – nt	atgaaggagaccgctgctgcaaagttcgagagacagcatatggatag	1801

[0721]

	ctccacaagcgccgca	
LTS2 – aa	MKETAAAKFERQHMDSSTSAA	1802
LTS3 – nt	cagaaaatcctggat	1803
LTS3 – aa	QKILD	1804
LTS4 – nt	cagagattcttcgag	1805
LTS4 – aa	QRFFE	1806
LTS5 – nt	aagtttgaaagacagcagaaaatcctggatcagagattcttcgag	1807
LTS5 – aa	KFERQQKILDQRFFE	1808

[0722]

[0723] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 SapC 단백질을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 암호화된 SapC는 인간, 비인간 영장류 또는 설치류와 같지만 이에 제한되지 않는 임의의 종으로부터 유래될 수 있다. SapC 단백질은 가수분해를 위해 글루코실세라마이드 분자에 노출시켜 지질막을 국부적으로 변경함으로써 GBA의 GCase 활성을 조정하는 것으로 생각된다(문헌[Alattia, Jean-René, *et al.* "Molecular imaging of membrane interfaces reveals mode of β-glucosidase activation by saposin C." Proceedings of the National Academy of Sciences 104.44 (2007): 17394-17399] 참조, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용됨).

[0724] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 인간(호모 사피엔스) SapC 또는 이들의 변이체를 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다.

[0725] 본 명세서의 개시내용의 다양한 실시형태는 바이러스 게놈을 포함하는 아데노-관련 바이러스(AAV) 입자를 제공하며, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 4에 제공된 바와 같은 인간 SapC(hSapC) 서열 또는 이의 단편에 대해 적어도 90%의 서열 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 4에 제공된 바와 같은 사포신 서열 또는 이의 단편에 대해 적어도 95%의 서열 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 4에 제공된 바와 같은 사포신 서열 또는 이의 단편에 대해 적어도 98%의 서열 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 4에 제공된 바와 같은 사포신 서열 또는 이의 단편에 대해 적어도 99%의 서열 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역 및 표 4에 제공된 바와 같은 사포신 서열 또는 이의 단편을 암호화하는 핵산 서열을 포함한다.

[0726] 일부 실시형태에서, 사포신 폴리펩타이드는 사이노몰구스 원숭이, 마카카 파스시쿨라리스(cynoPSAP 또는 cPSAP)와 같은 비인간 영장류의 사포신 또는 PSAP 서열로부터 유래된다. 소정의 실시형태는 마카카 파스시쿨라리스(HcynoSap) 서열의 인간화된 버전으로서 사포신 폴리펩타이드를 제공한다.

[0727] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 사이노몰구스 또는 게먹이(긴꼬리원숭이과) 마카크(마카카 파스시쿨라리스) PSAP 또는 사포신 또는 이들의 변이체를 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다.

[0728] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 레서스 마카크(마카카 물라타) PSAP 또는 사포신 또는 이들의 변이체를 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다.

[0729] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 뮤린(무스 무스쿨루스(*Mus musculus*)) PSAP 또는 사포신 또는 이들의 변이체를 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다.

[0730] 일부 실시형태에서, PSAP 또는 사포신 폴리펩타이드는 위에서 기재되고 표 4에 제공된 임의의 것과 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함할 수 있다.

[0731] 일부 실시형태에서, PSAP 또는 사포신 폴리펩타이드는 위에서 기재되고 표 4에 제공된 임의의 것과 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 동일성을 갖는 핵산 서열에 의해 암호화될 수 있다.

[0732] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 PD의 발병을 유발하거나 또는 유도하거나 또는 촉진하는 발현이 없는 PD-관련 유전자를 추가로 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 이러한 PD-관련 유전자는 GCase/GBA1, GBA2, 프로사포신, LIMP2/SCARB2(예를 들어, SCARB2 유전자의 유전자 산물), 프로그래눌린, GALC, CTSB, SMPD1, GCH1, RAB7, VPS35, IL-34, TREM2, TMEM106B, 임의의 전술한 것 또는 이들의 기능적 단편의 조합을 포함한다.

[0733] 따라서, 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 세포 내에서 라이소솜 및 엔도솜 수송을 조절하는 막 단백질인 LIMP2/SCARB2를 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, SCARB2 유전자는 NCBI 참조 서열 NP_005497.1(참조에 의해 본 명세서에 원용됨)로 표시되는 펩타이드를 암호화한다. 일부 실시형태에서, 단리된 핵산은 코돈 최적화된 SCARB2-암호화 서열을 포함한다.

[0734] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 GBA2 단백질(예를 들어, GBA2 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, GBA2-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, GBA2-암호화 서열은 NCBI 참조 서열 NP_065995.1(참조에 의해 본 명세서에 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0735] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 GALC 단백질(예를 들어, GALC 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, GALC-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, GALC-암호화 서열은 NCBI 참조 서열 NP_000144.2(참조에 의해 본 명세서에 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0736] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 CTSB 단백질(예를 들어, CTSB 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, CTSB-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, CTSB-암호화 서열은 NCBI 참조 서열 NP_001899.1(참조에 의해 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0737] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 SMPD1 단백질(예를 들어, SMPD1 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, SMPD1-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, SMPD1-암호화 서열은 NCBI 참조 서열 NP_000534.3(참조에 의해 본 명세서에 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0738] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 GCH1 단백질(예를 들어, GCH1 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, GCH1-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, GCH1-암호화 서열은 NCBI 참조 서열 NP_000534.3(참조에 의해 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0739] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 RAB7L 단백질(예를 들어, RAB7L 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, RAB7L-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, RAB7L은 NCBI 참조 서열 NP_003920.1(참조에 의해 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0740] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 VPS35 단백질(예를 들어, VPS35 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, VPS35-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, VPS35는 NCBI 참조 서열 NP_060676.2(참조에 의해 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0741] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 IL-34 단백질(예를 들어, IL34 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, IL-34-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, IL-34-암호화 서열은 NCBI 참조 서열 NP_689669.2(참조에 의해 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0742] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 TREM2 단백질(예를 들어, TREM 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, TREM2-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, TREM2-암호화 서열은 NCBI 참조 서열 NP_061838.1(참조에 의해 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0743] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 TMEM106B 단백질(예를 들어, TMEM106B 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, TMEM106B-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, TMEM106B-암호화 서열은 NCBI 참조 서열 NP_060844.2(참조에 의해 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0744] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 프로그래눌린(예를 들어, PGRN 유전자의 유전자 산물)을 암호화하는 페이로드 영역을 포함한다. 일부 실시형태에서, 프로그래눌린-암호화 서열은 코돈 최적화되었다(예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서의 발현을 위해 코돈 최적화됨). 일부 실시형태에서, 프로그래눌린(PRGN)을 암호화하는 핵산 서열은 NCBI 참조 서열 NP_002078.1(참조에 의해 원용됨)에 제시된 바와 같은 아미노산 서열을 포함하는 단백질을 암호화한다.

[0745] 소정의 실시형태에서, GCase /GBA, GBA2, LIMP2/SCARB2, 프로그래눌린, GALC, CTSB, SMPD1, GCH1, RAB7, VPS35, IL-34, TREM2, TMEM106B 및 프로사포신(예컨대, SapA 내지 SapD)과 같은 임의의 위의 단백질의 기능적 단편은 각각의 wt 유전자 또는 유전자 분절(예컨대, SapA 내지 SapD에 대한 코딩 서열)에 의해 암호화된 단백질의 약 50%, 약 60%, 약 70%, 약 80% 약 90% 또는 약 99%를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, wt 서열의 기능적 단편은 wt 서열에 의해 암호화된 단백질의 50% 내지 99.9%(예를 들어, 50% 내지 99.9% 사이의 임의의 값)를 포함한다.

[0746] *예시적인 GCase/SapC 페이로드*

[0747] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 GCase 단백질 및 SapC 단백질을 암호화하는 페이로드 영역(GCase/SapC 폴리펩타이드)을 포함한다. 암호화된 GCase/SapC 폴리펩타이드는 인간, 비인간 영장류 또는 설치류와 같지만 이에 제한되지 않는 임의의 종의 GCase 및 SapC 단백질 서열로부터 유래될 수 있다.

[0748] 본 명세서의 개시내용의 다양한 실시형태는 바이러스 게놈을 포함하는 아데노-관련 바이러스(AAV) 입자를 제공하며, 바이러스 게놈은 적어도 하나의 역 말단 반복 영역, 및 표 3에 제공된 인간 GCase 서열, 또는 이의 단편 또는 변이체에 대해 적어도 90% 서열 동일성의 영역 또는 표 4 또는 표 16에 제공된 인간 SapC 서열, 또는 이의 단편 또는 변이체에 대해 적어도 90% 서열 동일성의 영역을 갖는 GCase/SapC 폴리펩타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다.

[0749] 일부 실시형태에서, GCase/SapC 폴리펩타이드는 표 3 또는 표 15의 임의의 것에 대해 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 GCase 영역을 포함할 수 있다.

[0750] 일부 실시형태에서, GCase/SapC 폴리펩타이드는 표 4 또는 표 16의 임의의 것에 대해 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 SapC 영역을 포함할 수 있다.

[0751] 일부 실시형태에서, GCase/SapC 폴리펩타이드는 표 3 또는 표 15에 기재된 임의의 것에 대해 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 GCase 영역을 갖는 핵산 서열에 의해 암호화될 수 있다.

[0752] 일부 실시형태에서, GCase/SapC 폴리펩타이드는 표 4 또는 표 16에 기재된 임의의 것에 대해 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 SapC 영역을 갖는 핵산 서열에 의해 암호화될 수 있다.

[0753] 바이러스 게놈은 코딩 또는 논-코딩 영역을 분리하기 위해 하나 이상의 스페이서 또는 링커 영역으로 조작될 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV 입자의 페이로드 영역은 하나 이상의 링커 서열을 선택적으로 암호화할 수 있다. 경우에 따라, 링커는 페이로드 영역에 의해 암호화된 폴리펩타이드(즉, GCase 폴리펩타이드 및 SapC 폴리펩타이드)를 연결하는 데 사용될 수 있는 펩타이드 링커일 수 있다. 일부 펩타이드 링커는 GCase 및 SapC 폴리펩타이드를 분리하기 위해 발현 후에 절단되어 별도의 기능적 폴리펩타이드의 발현을 가능하게 할 수 있다. 링커 절단은 효소적일 수 있다. 경우에 따라, 링커는 세포내 또는 세포외 절단을 용이하게 하기 위해 효소적 절단 부위를 포함한다. 일부 페이로드 영역은 mRNA 전사체로부터 링커 서열의 번역 동안 폴리펩타이드 합성을 방해하는 링커를 암호화한다. 이러한 링커는 단일 전사체로부터 별도의 단백질 도메인(예를 들어, GCase 및 SapC 도메인)의 번역을 용이하게 할 수 있다. 경우에 따라, 2개 이상의 링커는 바이러스 게놈의 페이로드 영역에 의해 암호화된다. AAV 입자 바이러스 게놈의 페이로드 영역에 의해 암호화될 수 있는 링커의 비제한적인 예는 표 2에 제공되어 있다.

[0754] 일부 실시형태에서, GCase 및 SapC 폴리펩타이드는 독립적인 AAV 벡터로 별도로 전달된다.

[0755] 소정의 실시형태에서, Gcase 및/또는 사포신을 발현시키기 위한 바이러스 게놈은 표 5에 기재된 바와 같은 서열을 포함할 수 있다.

[0756] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 바이러스 게놈은 라이소솜 표적화 펩타이드 서열(LTS), 세포 침투 펩타이드(CPP) 또는 둘 다와 같은 강화 요소를 포함한다. 예를 들어, 일부 실시형태에서, 페이로드는 라이소솜 표적화 펩타이드를 암호화하는 서열을 가질 수 있다. 라이소솜 표적화 펩타이드를 암호화하는 서열은 GCase로부터 유래되는 서열일 수 있다. 경우에 따라, LIMP-2 결합 도메인 또는 이의 변이체가 LIMP-2를 통해 라이소솜으로의 GCase의 세포내 수송을 담당하는 라이소솜으로의 분자의 세포내 수송을 돕는다(Liou, Benjamin, *et al.* Journal of Biological Chemistry 289.43 (2014): 30063-30074, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있음).

[0757] *예시적인 GBA AAV 바이러스 게놈 서열 영역 및 ITR 간(ITR to ITR) 서열*

[0758] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈, 예를 들어, AAV 바이러스 게놈 또는 벡터 게놈은 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자에 작동 가능하게 연결된 프로모터를 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 역 말단 반복 영역, 인핸서, 인트론, miR 결합 부위, 폴리A 영역 또는 이들의 조합을 추가로 포함한다. 상세한 설명에 따른 바이러스 게놈에 대한 ITR 간 서열 내의 예시적인 서열 영역이 표 5에 제공되어 있다.

표 5

ITR 간 작제물 내 예시적인 바이러스 게놈 서열 영역

설명	서열	서열 번호
ITR(130nt)	ctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgcccgggcaaagcccgggcgtcgggcg accttggtcgcccggcctcagtgagcgagcgagcgcgcagagagggagtggcc aactccatcactaggggttcct	1829
ITR(130nt)	aggaacccctagtgatggagttggccactccctctctgcgcgctcgctcgctca ctgaggccgggcgaccaaaggtcgcccgacgcccgggctttgcccgggcggcct cagtgagcgagcgagcgcgcag	1830
ITR 변이체 A	TATTAGATCTGATGGCCGC	1860
ITR 변이체 B	CTCCATCACTAGGGGTTCCT	1861
ITR 변이체 B	AGGAACCCCTAGTGATGGAGTTGGCCACTCCCTCTCTGCGCGCTCGCTCGCTCA CTGAGGCCGGGCGACCAAAGGTCGCCCGACGCCCGGGCTTTGCCCGGGCGGCCT CAGTGAGCGAGCGAGCGCGCAGAGAGGGAGTGGCCAA	1862
ITR 변이체 C	TATTAGATCTGATGGCCGCG	1863
ITR 변이체 D	TCCATCACTAGGGGTTCCTG	1864
CMVie 인핸서	GACATTGATTATTGACTAGTTATTAATAGTAATCAATTACGGGGTCATTAGTTC ATAGCCCATATATGGAGTTCCGCGTTACATAACTTACGGTAAATGGCCCGCCTG GCTGACCGCCCAACGACCCCCGCCCATTGACGTCAATAATGACGTATGTTCCCA TAGTAACGCCAATAGGGACTTTCCATTGACGTCAATGGGTGGAGTATTTACGGT AAACTGCCCACTTGGCAGTACATCAAGTGTATCATATGCCAAGTACGCCCCCTA TTGACGTCAATGACGGTAAATGGCCCGCCTGGCATTATGCCCAGTACATGACCT TATGGGACTTTCCTACTTGGCAGTACATCTACGTATTAGTCATCGCTATTACCA TG	1831
CMV 프로모터	gtgatgcggttttggcagtacatcaatgggcgtggatagcggtttgactcacgg ggatttccaagtctccaccccattgacgtcaatgggagtttgttttggcaccaa aatcaacgggactttccaaaatgtcgtaacaactccgccccattgacgcaaatg ggcggtaggcgtgtacggtgggaggtctatataagcagagctc	1832

[0759]

CMV 프로모터 영역(CMV 인핸서 및 프로모터)	gacattgattattgactagttattaatagtaatcaattacggggtcattagttc atagcccatatatggagttccgcgttacataacttacggtaaatggcccgcctg gctgaccgcccaacgacccccgcccattgacgtcaataatgacgtatgttccca tagtaacgccaatagggactttccattgacgtcaatgggtggagtatttacggt aaactgcccacttggcagtacatcaagtgtatcatatgccaagtacgcccccta ttgacgtcaatgacggtaaatggcccgcctggcattatgcccagtacatgacct tatgggactttcctacttggcagtacatctacgtattagtcatcgctattacca tggtgatgcggttttggcagtacatcaatgggcgtggatagcggtttgactcac ggggatttccaagtctccaccccattgacgtcaatgggagtttgttttggcacc aaaatcaacgggactttccaaaatgtcgtaacaactccgccccattgacgcaaa tgggcggtaggcgtgtacggtgggaggtctatataagcagagctc	1833
CB 프로모터	ccacgttctgcttcactctccccatctccccccccctccccaccccaattttgt atttatttatttttaattattttgtgcagcgatgggggcgggggggggggggcg cgcgccaggcggggcggggcggggcgaggggcggggcggggcgaggcggagagg tgcggcggcagccaatcagagcggcgcgctccgaaagtttccttttatggcgag gcggcggcggcggcggccctataaaaagcgaagcgcgcggcggg	1834
CAG 프로모터	ctagttattaatagtaatcaattacggggtcattagttcatagcccatatatgg agttccgcgttacataacttacggtaaatggcccgcctggctgaccgcccaacg acccccgcccattgacgtcaataatgacgtatgttcccatagtaacgccaatag ggactttccattgacgtcaatgggtggagtatttacggtaaactgcccacttgg cagtacatcaagtgtatcatatgccaagtacgcccccctattgacgtcaatgacg gtaaatggcccgcctggcattatgcccagtacatgaccttatgggactttccta cttggcagtacatctacgtattagtcatcgctattaccatggtcgaggtgagcc ccacgttctgcttcactctccccatctccccccccctccccaccccaattttgt atttatttatttttaattattttgtgcagcgatgggggcgggggggggggggcg ggcgcgccaggcggggcggggcgggcgaggggcggggcggggcgaggcgga gaggtgcggcggcagccaatcagagcggcgcgctccgaaagtttccttttatgg cgaggcggcggcggcggccctataaaaagcgaagcgcgcggcgggcgGgag tcgctgcgcgctgccttcgccccgtgccccgctccgccgccgcctcgcgccgcc cgccccggctctgactgaccgcgttactcccacaggtgagcgggcgggacggcc cttctcctccgggctgtaattagcgcttggtttaatgacggcttgtttcttttc tgtggctgcgtgaaagccttgaggggctccgggagggccctttgtgcgggggga gcggctcgggggggtgcgtgcgtgtgtgtgtgcgtggggagcgccgcgtgcggct ccgcgctgcccggcggctgtgagcgctgcgggcgcggcgcggggctttgtgcgc tccgcagtgtgcgcgaggggagcgcggccgggggcggtgccccgcggtgcgggg ggggctgcgagggggaacaaaggctgcgtgcggggtgtgtgcgtgggggggtgag cagggggtgtgggcgcgtcggtcgggctgcaaccccccctgcaccccctcccc gagttgctgagcacggcccggcttcgggtgcggggctccgtacggggcgtggcg cggggctcgccgtgccgggcgggggggtggcggcaggtgggggtgccgggcgggg cggggccgcctcgggccgggggagggctcgggggaggggcgcggcggccccgga gcgccggcggctgtcgaggcgcggcgagccgcagccattgccttttatggtaat cgtgcgagagggcgcagggacttcctttgtcccaaatctgtgcggagccgaaat ctgggaggcgccgccgcaccccctctagcgggcgcggggcgaagcggtgcggcg ccggcaggaaggaaatgggcggggagggccttcgtgcgtcgccgcgccgccgtc ccctctccctctccagcctcggggctgtccgcgggggacggctgccttcggg ggggacggggcagggcggggttcggcttctggcgtgtgaccggcggctctagag cctctgctaaccatgttcatgccttcttcttttcctacagctcctgggcaacg tgctggttattgtgctgtctcatcattttggcaaagaattc	1835
CBA 최소 프로모터	catggtcgaggtgagccccacgttctgcttcactctccccatctccccccccctc cccaccccaattttgtatttatttatttttttaattattttgtgcagcgatggg ggcgggggggggggggggcgcgcgccaggcggggcggggcggggcgaggggcg gggcggggcgaggcggagaggtgcggcggcagccaatcagagcggcgcgctccg aaagtttccttttatggcgaggcggcggcggcggcggccctataaaaagcgaag cgcgcggcgggcg	1836

[0760]

인트론 1	Ggagtcgctgcgcgctgccttcgccccgtgccccgctccgccgccgcctcgcgc cgcccgccccggctctgactgaccgcgttactcccacaggtgagcgggcgggac ggcccttctcctccgggctgtaattagcgcttggtttaatgacggcttgtttct tttctgtggctgcgtgaaagccttgagggctccgggagggccctttgtgcggg gggagcggctcgggggggtgcgtgcgtgtgtgtgtgcgtggggagcgccgcgtgc ggctccgcgctgcccggcggctgtgagcgctgcgggcgcggcgcggggctttgt gcgctccgcagtgtgcgcgaggggagcgcggccgggggcggtgccccgcggtgc gggggggggctgcgaggggaacaaaggctgcgtgcggggtgtgtgcgtgggggggg tgagcaggggggtgtgggcgcgtcggtcgggctgcaaccccccctgcacccccct ccccgagttgctgagcacggcccggcttcgggtgcgggggctccgtacgggggcgt ggcgcgggggctcgccgtgccgggcgggggggtggcggcaggtgggggtgccgggc ggggcgggggccgcctcgggccgggggagggctcgggggagggggcgcggcggcccc cggagcgccggcggctgtcgaggcgcggcgagccgcagccattgccttttatgg taatcgtgcgagagggcgcagggacttcctttgtcccaaatctgtgcggagccg aaatctgggaggcgccgccgcaccccctctagcgggcgcgggggcgaagcggtgc ggcgccggcaggaaggaaatgggcggggagggccttcgtgcgtcgccgcgccgc cgtcccctttctcccctctccagcctcgggggctgtccgcgggggggacggctgcctt cgggggggacggggcagggcggggttcggcttctggcgtgtgaccggcggctct agagcctctgctaaccatgttcatgccttcttcttttttcctaca	1837
EF-1α 프로모터 변이체 1	gcatgcgtga	1838
EF-1α 프로모터 변이체 2(인트론 밑줄 그어짐)	gcatgcgtgaggctccggtgcccgtcagtgggcagagcgcacatcgcccacagt ccccgagaagttgggggggagggggtcggcaattgaaccggtgcctagagaaggtg gcgcggggtaaactgggaaagtgatgtcgtgtactggctccgcctttttcccga gggtgggggagaaccgtatataagtgcagtagtcgccgtgaacgttcttttttcg caacgggtttgccgccagaacacaggtaagtgccgtgtgtggttcccgcgggcc tggcctctttacgggttatggcccttgcgtgccttgaattacttccacctggct gcagtacgtgattcttgatcccgagcttcgggttggaagtgggtgggagagttc gaggccttgcgcttaaggagcccttcgcctcgtgcttgagttgaggcctggcc tgggcgctggggccgccgcgtgcgaatctggtggcaccttcgcgcctgtctcgc tgctttcgataagtctctagccatttaaaatttttgatgacctgctgcgacgct ttttttctggcaagatagtcttgtaaatgcgggccaagatctgcacactggtat ttcggttttgggggccgcgggcggcgacggggcccgtgcgtcccagcgcacatg ttcggcgaggcgggggcctgcgagcgcggccaccgagaatcggacgggggtagtc tcaagctggccggcctgctctggtgcctggcctcgcgccgccgtgtatcgcccc gccctgggcggcaaggctggcccggtcggcaccagttgcgtgagcggaaagatg gccgcttcccggccctgctgcagggagctcaaaatggaggacgcggcgctcggg agagcgggcgggtgagtcacccacacaaaggaaaagggcctttccgtcctcagc cgtcgcttcatgtgactccacggagtaccgggcgccgtccaggcacctcgatta gttctcgagcttttggagtacgtcgtctttaggttgggggggagggggttttatgc gatggagtttccccacactgagtgggtggagactgaagttaggccagcttggca cttgatgtaattctccttggaatttgccctttttgagtttggatcttggttcat tctcaagcctcagacagtggttcaaagtttttttcttccatttcaggtgtcgtg a	1839
EF-1α 프로모터 변이체 3(인트론 밑줄 그어짐)	ggctccggtgcccgtcagtgggcagagcgcacatcgcccacagtccccgagaag ttgggggggagggtcggcaattgaaccggtgcctagagaaggtggcgcggggta aactgggaaagtgatgtcgtgtactggctccgcctttttcccgagggtgggggga gaaccgtatataagtgcagtagtcgccgtgaacgttcttttttcgcaacgggttt gccgccagaacacaggtaagtgccgtgtgtggttcccgcgggcctggcctcttt acgggttatggcccttgcgtgccttgaattacttccacctggctgcagtacgtg attcttgatcccgagcttcgggttggaagtgggtgggagagttcgaggccttgc gcttaaggagcccttcgcctcgtgcttgagttgaggcctggcctgggcgctgg ggccgccgcgtgcgaatctggtggcaccttcgcgcctgtctcgctgctttcgat	1840

[0761]

	aagtctctagccatttaaaatttttgatgacctgctgcgacgctttttttctgg caagatagtcttgtaaatgcgggccaagatctgcacactggtatttcggttttt gggggccgcgggcggcgacggggcccgtgcgtcccagcgcacatgttcggcgagg cggggcctgcgagcgcggccaccgagaatcggacgggggtagtctcaagctggc cggcctgctctggtgcctggcctcgcgccgccgtgtatcgccccgccctgggcg gcaaggctggcccggtcggcaccagttgcgtgagcggaaagatggccgcttccc ggccctgctgcagggagctcaaaatggaggacgcggcgctcgggagagcgggcg ggtgagtcacccacacaaaggaaaagggcctttccgtcctcagccgtcgcttca tgtgactccacggagtaccgggcgccgtccaggcacctcgattagttctcgagc ttttggagtacgtcgtctttaggttgggggggaggggttttatgcgatggagttt ccccacactgagtgggtggagactgaagttaggccagcttggcacttgatgtaa ttctccttggaatttgccctttttgagtttggatcttggttcattctcaagcct cagacagtggttcaaagttttttttcttccatttcaggtgtcgtga	
EF-1α 인트론 A	gtaagtgccgtgtgtggttcccgcgggcctggcctctttacgggttatggccct tgcgtgccttgaattacttccacctggctgcagtacgtgattcttgatcccgag cttcgggttggaagtgggtgggagagttcgaggccttgcgcttaaggagccccct tcgcctcgtgcttgagttgaggcctggcctgggcgctggggccgccgcgtgcga atctggtggcaccttcgcgcctgtctcgctgctttcgataagtctctagccatt taaaatttttgatgacctgctgcgacgctttttttctggcaagatagtcttgta aatgcgggccaagatctgcacactggtatttcggttttgggggccgcgggcggc gacggggcccgtgcgtcccagcgcacatgttcggcgaggcggggcctgcgagcg cggccaccgagaatcggacgggggtagtctcaagctggccggcctgctctggtg cctggcctcgcgccgccgtgtatcgccccgccctgggcggcaaggctggcccgg tcggcaccagttgcgtgagcggaaagatggccgcttcccggccctgctgcaggg agctcaaaatggaggacgcggcgctcgggagagcgggcgggtgagtcacccaca caaaggaaaagggcctttccgtcctcagccgtcgcttcatgtgactccacggag taccgggcgccgtccaggcacctcgattagttctcgagcttttggagtacgtcg tctttaggttgggggggaggggttttatgcgatggagtttccccacactgagtgg gtggagactgaagttaggccagcttggcacttgatgtaattctccttggaattt gccctttttgagtttggatcttggttcattctcaagcctcagacagtggttcaa agttttttttcttccatttcag	1841
인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)	tcagatcgcctggagacgccatccacgctgttttgacctccatagaagacaccg ggaccgatccagcctccgcggattcgaatcccggccgggaacggtgcattggaa cgcggattccccgtgccaagagtgacgtaagtaccgcctatagagtctataggc ccacaaaaaatgctttcttcttttaatatactttttgtttatcttatttctaa tactttccctaatctctttctttcagggcaataatgatacaatgtatcatgcct ctttgcaccattctaaagaataacagtgataatttctgggttaaggcaatagca atatttctgcatataaatatttctgcatataaattgtaactgatgtaagaggtt tcatattgctaatagcagctacaatccagctaccattctgcttttatttatgg ttgggataaggctggattattctgagtccaagctaggccctttgctaatcatg ttcatacctcttatcttcctcccacagctcctgggcaacgtgctggtctgtgtg ctggcccatcactttggcaaagaatt	1842
퓨린 – nt	agaaagaggcga	1724
퓨린 – aa	RKRR	1854
T2A – nt	gagggcagaggaagtcttctaacatgcggtgacgtggaggagaatcccggccct	1726
T2A – nt	EGRGSLLTCGDVEENPGP	1855
(G4S) 링커 – nt	tccggaggcggcggcagc	1729
(G4S) 링커 – aa	GGGGS	1843
(G4S)3 링커 – nt	GGAGGGGGGGGTTCGGGTGGCGGCGGAAGTGGGGGCGGTGGTTCT	1730

[0762]

(G4S)3 – aa	GGGGSGGGGSGGGGS	1845
폴리 A 신호 서열	gatctttttccctctgccaaaaattatggggacatcatgaagccccttgagcat ctgacttctggctaataaaggaaatttatttttcattgcaatagtgtgttggaat tttttgtgtctctcactcg	1846
miR183 결합 부위	AGTGAATTCTACCAGTGCCATA	1847
스페이서	GATAGTTA	1848
miR183 결합 부위 시리즈	AGTGAATTCTACCAGTGCCATAGATAGTTAAGTGAATTCTACCAGTGCCATAGA TAGTTAAGTGAATTCTACCAGTGCCATAGATAGTTAAGTGAATTCTACCAGTGC CATA	1849
신호 서열 – nt	ATGGAATTCTCTAGCCCATCTAGAGAGGAATGTCCTAAGCCTCTGTCAAGAGTG TCCATCATGGCCGGCAGCCTGACAGGCCTGCTGCTGCTGCAGGCCGTGTCCTGG GCCAGTGGA	1850
신호 서열 – nt	ATGGAGTTTTCAAGTCCTTCCAGAGAGGAATGTCCCAAGCCTTTGAGTAGGGTA AGCATCATGGCTGGCAGCCTCACAGGATTGCTTCTACTTCAGGCAGTGTCGTGG GCATCAGGT	1851
신호 서열 – nt	atggaattcagcagccccagcagagaggaatgccccaagcctctgagccgggtg tcaatcatggccggatctctgacaggactgctgctgcttcaggccgtgtcttgg gcttctggc	1852
신호 서열 – aa	MEFSSPSREECPKPLSRVSIMAGSLTGLLLLQAVSWASG	1853

[0763]

[0764] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 표 5에 제공된 역 말단 반복 서열 영역(ITR) 또는 표 5의 임의의 ITR 서열과 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0765] 본 개시내용은 또한 일부 실시형태에서 서열번호 1759 내지 1771 또는 1809 내지 1828 중 어느 하나 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열 중 어느 하나에 의해 암호화되는 GBA 단백질을 제공한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 표 5에 제공된 프로모터 또는 표 5의 임의의 프로모터 서열과 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0766] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 바이러스 게놈은 뉴클레오타이드 서열 뉴클레오타이드 서열, 예를 들어, 표 18 내지 표 21 또는 표 29 내지 표 32에 기재된 바와 같은 GBA_VG1 내지 GBA_VG34의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열의, 예를 들어, 5' ITR에서 3' ITR까지의 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 바이러스 게놈은 뉴클레오타이드 서열, 예를 들어, 표 18 내지 표 21 또는 표 29 내지 표 32의 임의의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열의 5' ITR에서 3' ITR까지의 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 바이러스 게놈은 뉴클레오타이드 서열, 예를 들어, 서열번호 1759 내지 1771, 1809 내지 1828 또는 1870의 임의의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열의 5' ITR에서 3' ITR까지의 핵산 서열을 포함한다.

[0767] 본 개시내용은 또한 일부 실시형태에서 서열번호 1759 내지 1771, 1809 내지 1828 또는 1870 중 어느 하나 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화된 GBA 단백질(예를 들어, GCase 단백질)을 제공한다.

[0768] 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈은 wtGBA 바이러스 게놈이되, 바이러스 게놈은 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하지만(선택적으로 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열임), 강화 요소, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 강화 요소를 암호화하지 않는다. 일부 실시형태에서, GBA 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈은 enGBA 바이러스 게놈이되, 바이러스 게놈은 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하며(선택적으로 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열임), 강화 요소, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 강화 요소를 추가로 암호화한다.

표 18

예시적인 바이러스 게놈(ITR 간) 서열

작제물 ID	설명(5'에서 3')	서열 번호	길이
GBA_VG1	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1759	3413
GBA_VG2	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 리보솜 표적화 서열 1(LTS1)(서열번호 1799); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1760	3428
GBA_VG3	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); 리보솜 표적화 서열 2(LTS2)(서열번호 1801); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1761	3476
GBA_VG4	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 리보솜 표적화 서열 3(LTS3)(서열번호 1803); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1762	3428

[0769]

GBA_VG5	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 리보솜 표적화 서열 4(LTS4)(서열번호 1805); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1763	3428
GBA_VG6	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); ApoEII 코딩 서열(서열번호 1797); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1764	3512
GBA_VG7	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); TAT 코딩 서열(서열번호 1793); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1765	3500
GBA_VG8	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 퓨린 절단 부위 코딩 서열(서열번호 1724); T2A 코딩 서열(서열번호 1726); 신호 서열(서열번호 1856); 프로사포신(PSAP) 코딩 서열(서열번호 1859); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1766	4463
GBA_VG9	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 퓨린 절단 부위 코딩 서열(서열번호 1724); T2A 코딩 서열(서열번호 1726); 신호 서열(서열번호 1856); SAPC 코딩 서열(서열번호 1787); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1767	3878
GBA_VG10	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 퓨린 절단 부위 코딩 서열(서열번호 1724); T2A 코딩 서열(서열번호 1726); 신호 서열(서열번호 1856); SAPCv2 코딩 서열(서열번호 1791); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1768	3767
GBA_VG11	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); ApoB 코딩 서열(서열번호 1795); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1769	3560

[0770]

GBA_VG12	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); TAT 코딩 서열(서열번호 1793); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1770	3500
GBA_VG13	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 리보솜 표적화 서열 5(LTS5)(서열번호 1807); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1771	3458
GBA_VG14	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); 리보솜 표적화 서열 2(LTS2)(서열번호 1801); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); 퓨린 절단 부위 코딩 서열(서열번호 1724); T2A 코딩 서열(서열번호 1726); 신호 서열(서열번호 1856); SAPC 코딩 서열(서열번호 1787); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1809	3941
GBA_VG15	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); ApoEII 코딩 서열(서열번호 1797); 퓨린 절단 부위 코딩 서열(서열번호 1724); T2A 코딩 서열(서열번호 1726); 신호 서열(서열번호 1856); SAPC 코딩 서열(서열번호 1787); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1810	3977
GBA_VG16	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1852); 리보솜 표적화 서열 2(LTS2)(서열번호 1801); GBA 변이체 3 코딩 서열(서열번호 1781); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); ApoEII 코딩 서열(서열번호 1797); 퓨린 절단 부위 코딩 서열(서열번호 1724); T2A 코딩 서열(서열번호 1726); 신호 서열(서열번호 1856); SAPC 코딩 서열(서열번호 1787); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1811	4040
GBA_VG17	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1850); GBA 변이체 1 코딩 서열(서열번호 1773); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1812	3413
GBA_VG18	ITR(서열번호 1829); EF-1α 프로모터 변이체 2(서열번호 1839); 신호 서열(서열번호 1850); GBA 변이체 1 코딩	1813	3375

[0771]

	서열(서열번호 1773); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)		
GBA_VG19	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CMV 프로모터(서열번호 1832); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1850); GBA 변이체 1 코딩 서열(서열번호 1773); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1814	3360
GBA_VG20	ITR(서열번호 1829); CAG 프로모터(서열번호 1835); 신호 서열(서열번호 1850); GBA 변이체 1 코딩 서열(서열번호 1773); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1815	3901
GBA_VG21	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1851); GBA 변이체 2 코딩 서열(서열번호 1777); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1816	3413
GBA_VG22	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1851); GBA 변이체 2 코딩 서열(서열번호 1777); 퓨린 절단 부위 코딩 서열(서열번호 1724); T2A 코딩 서열(서열번호 1726); 신호 서열(서열번호 1856); SAPC 코딩 서열(서열번호 1787); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1817	3878
GBA_VG23	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1851); GBA 변이체 2 코딩 서열(서열번호 1777); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); ApoEII 코딩 서열(서열번호 1797); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1818	3512
GBA_VG24	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1851); 리보솜 표적화 서열 2(LTS2)(서열번호 1801); GBA 변이체 2 코딩 서열(서열번호 1777); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1819	3476
GBA_VG25	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1851); GBA 변이체 2 코딩 서열(서열번호 1777); 리보솜 표적화 서열 4(LTS4)(서열번호 1805); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1820	3428
GBA_VG26	ITR(서열번호 1829); EF -1α 프로모터 변이체 3(서열번호 1840); 신호 서열(서열번호 1851); GBA 변이체 2 코딩 서열(서열번호 1777); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1821	3375
GBA_VG27	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB	1822	3878

[0772]

	프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1850); GBA 변이체 1 코딩 서열(서열번호 1773); 퓨린 절단 부위 코딩 서열(서열번호 1724); T2A 코딩 서열(서열번호 1726); 신호 서열(서열번호 1856); SAPC 코딩 서열(서열번호 1787); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)		
GBA_VG28	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1850); GBA 변이체 1 코딩 서열(서열번호 1773); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); ApoEII 코딩 서열(서열번호 1797); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1823	3512
GBA_VG29	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1850); 리보솜 표적화 서열 2(LTS2)(서열번호 1801); GBA 변이체 1 코딩 서열(서열번호 1773); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1824	3476
GBA_VG30	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1850); GBA 변이체 1 코딩 서열(서열번호 1773); 리보솜 표적화 서열 4(LTS4)(서열번호 1805); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1825	3428
GBA_VG31	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1851); GBA 변이체 2 코딩 서열(서열번호 1777); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); TAT 코딩 서열(서열번호 1793); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1826	3500
GBA_VG32	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1850); GBA 변이체 1 코딩 서열(서열번호 1773); G4S3 링커 코딩 서열(서열번호 1730); TAT 코딩 서열(서열번호 1793); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1827	3500
GBA_VG33	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB 프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1850); GBA 변이체 1 코딩 서열(서열번호 1773); miR183 결합 부위(서열번호 1847); 스페이서(서열번호 1848); miR183 결합 부위(서열번호 1847); 스페이서(서열번호 1848); miR183 결합 부위(서열번호 1847); 스페이서(서열번호 1848); mir183 결합 부위(서열번호 1847); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)	1828	3571
GBA_VG34	ITR(서열번호 1829); CMVie(서열번호 1831); CB	1870	3571

[0773]

	프로모터(서열번호 1834); 인간 베타 글로빈 인트론(hGBint)(서열번호 1842); 신호 서열(서열번호 1851); GBA 변이체 2 코딩 서열(서열번호 1777); miR183 결합 부위(서열번호 1847); 스페이서(서열번호 1848); miR183 결합 부위(서열번호 1847); 스페이서(서열번호 1848); miR183 결합 부위(서열번호 1847); 스페이서(서열번호 1848); mir183 결합 부위(서열번호 1847); 폴리 A 단일 영역(서열번호 1846); ITR(서열번호 1830)		

[0774]

표 19

GBA 단백질을 암호화하는 예시적인 ITR 간 서열

작제물 ID	서열	서열 번호
GBA_VG17	ctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgcccgggcaaagcccgggcgtcgggcgac ctttggtcgcccggcctcagtgagcgagcgagcgcgcagagagggagtggccaact ccatcactaggggttccttgtagttaatgattaacccgccatgctacttatctacc agggtaatggggatcctctagaactatagctagtcGACATTGATTATTGACTAGTT ATTAATAGTAATCAATTACGGGGTCATTAGTTCATAGCCCATATATGGAGTTCCGC GTTACATAACTTACGGTAAATGGCCCGCCTGGCTGACCGCCCAACGACCCCCGCCC ATTGACGTCAATAATGACGTATGTTCCCATAGTAACGCCAATAGGGACTTTCCATT GACGTCAATGGGTGGAGTATTTACGGTAAACTGCCCACTTGGCAGTACATCAAGTG TATCATATGCCAAGTACGCCCCCTATTGACGTCAATGACGGTAAATGGCCCGCCTG GCATTATGCCCAGTACATGACCTTATGGGACTTTCCTACTTGGCAGTACATCTACG TATTAGTCATCGCTATTACCATGtcgaggccacgttctgcttcactctccccatct ccccccctccccacccccaattttgtatttatttatttttttaattattttgtgca gcgatgggggcgggggggggggcgcgcgccaggcggggcggggcggggcgagggg cggggcggggcgaggcggagaggtgcggcggcagccaatcagagcggcgcgctccg aaagtttccttttatggcgaggcggcggcggcggcgccctataaaaagcgaagcg cgcggcgggcgggagcaagcttcgtttagtgaaccgtcagatcgcctggagacgcc atccacgctgttttgacctccatagaagacaccgggaccgatccagcctccgcgga ttcgaatcccggccgggaacggtgcattggaacgcggattccccgtgccaagagtg acgtaagtaccgcctatagagtctataggcccacaaaaaatgctttcttcttttaa tatacttttttgtttatcttatttctaatactttccctaatctctttctttcaggg caataatgatacaatgtatcatgcctctttgcaccattctaaagaataacagtgat aatttctgggttaaggcaatagcaatatttctgcatataaatatttctgcatataa attgtaactgatgtaagaggtttcatattgctaatagcagctacaatccagctacc attctgcttttattttatggttgggataaggctggattattctgagtccaagctag gccctttttgctaatcatgttcatacctcttatcttcctcccacagctcctgggcaa cgtgctggtctgtgtgctggcccatcactttggcaaagaattgggattcgaaccgg tgccgccaccATGGAATTCTCTAGCCCATCTAGAGAGGAATGTCCTAAGCCTCTGT CAAGAGTGTCCATCATGGCCGGCAGCCTGACAGGCCTGCTGCTGCTGCAGGCCGTG TCCTGGGCCAGTGGAGCCCGGCCCTGCATCCCTAAGTCCTTCGGCTATTCTAGCGT GGTCTGCGTGTGTAATGCCACTTACTGCGACAGCTTCGACCCTCCTACCTTCCCCG CCCTTGGAACATTCAGCAGATACGAGAGCACCAGAAGCGGCAGAAGAATGGAACTG AGCATGGGCCCAATCCAGGCCAACCACACCGGCACCGGCCTGCTGCTGACACTGCA ACCTGAGCAGAAGTTCCAGAAGGTGAAGGGATTTGGAGGCGCCATGACCGACGCTG CTGCTCTGAACATCCTGGCCCTCTCCCCACCTGCTCAGAACCTGCTGCTTAAAAGC TACTTCAGCGAGGAAGGCATCGGCTATAACATCATCAGAGTGCCCATGGCCAGCTG	1812

[0775]

	CGACTTCAGCATCAGAACATACACCTACGCCGATACACCTGATGACTTCCAACTGC ACAACTTCAGCCTGCCTGAAGAGGACACAAAGCTGAAAATCCCCCTGATCCACCGG GCCCTGCAGCTGGCCCAGAGACCTGTGAGCCTGCTGGCCTCTCCTTGGACAAGCCC CACCTGGCTGAAGACCAATGGAGCTGTGAACGGCAAGGGCAGCCTGAAGGGCCAGC CCGGCGACATCTACCACCAAACCTGGGCTCGCTACTTCGTGAAATTCCTGGACGCC TACGCTGAGCATAAGCTGCAATTTTGGGCCGTTACAGCCGAGAACGAGCCTTCTGC CGGCCTGCTGTCTGGATATCCTTTCCAGTGCCTGGGCTTCACCCCTGAGCACCAGA GAGACTTTATCGCCAGAGATCTGGGGCCTACCCTGGCTAACAGCACACACCACAAC GTGCGGCTGCTGATGCTGGACGATCAGAGGCTGCTGCTCCCCCACTGGGCCAAGGT GGTGCTGACAGATCCGGAGGCCGCCAAATACGTGCACGGCATCGCCGTCCACTGGT ACCTGGATTTCCTGGCCCCTGCCAAGGCCACCCTGGGCGAGACACATAGACTGTTT CCTAATACCATGCTGTTCGCCAGCGAGGCCTGCGTGGGCAGCAAGTTCTGGGAACA GAGCGTGCGGCTGGGCAGCTGGGACAGAGGAATGCAGTACAGCCACAGCATCATTA CCAACCTGCTGTACCACGTGGTGGGCTGGACCGACTGGAACCTGGCCCTGAACCCC GAAGGCGGCCCCAACTGGGTGCGGAACTTCGTGGACTCTCCTATCATCGTGGATAT TACCAAGGATACCTTTTACAAGCAGCCTATGTTCTACCACCTGGGCCACTTCAGCA AGTTCATCCCTGAGGGCTCTCAGCGGGTGGGCCTGGTGGCCTCTCAGAAAAACGAC CTGGATGCCGTTGCCCTGATGCACCCCGACGGCAGCGCCGTGGTGGTCGTCCTGAA TAGAAGCTCCAAGGACGTGCCTCTGACCATCAAGGACCCCGCTGTGGGATTTCTGG AAACCATCAGCCCTGGCTACAGCATCCACACCTACCTGTGGCGGCGGCAGtagtaa ctcgaggacggggtgaactacgcctgaggatccgatcttttccctctgccaaaaa ttatggggacatcatgaagccccttgagcatctgacttctggctaataaaggaaat ttattttcattgcaatagtgtgttggaatttttgtgtctctcactcggcctaggt agataagtagcatggcgggttaatcattaactacaaggaacccctagtgatggagt tggccactccctctctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgggcgaccaaaggtc gcccgacgcccgggctttgcccgggcggcctcagtgagcgagcgagcgcgcag	
GBA_VG18	ctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgcccgggcaaagcccgggcgtcgggcgac ctttggtcgcccggcctcagtgagcgagcgagcgcgcagagagggagtggccaact ccatcactagggggttccttgtagttaatgattaacccgccatgctacttatctacc agggtaatggggatcctctagaactatagctagtcgacataacgcgtgcatgcgtg aggctccggtgcccgtcagtgggcagagcgcacatcgcccacagtccccgagaagt tgggggggagggtcggcaattgaaccggtgcctagagaaggtggcgcggggtaaac tgggaaagtgatgtcgtgtactggctccgccttttcccgagggtgggggagaacc gtatataagtgcagtagtcgccgtgaacgttcttttcgcaacgggtttgccgcca gaacacaggtaagtgccgtgtgtggttcccgcgggcctggcctctttacgggttat ggcccttgcgtgccttgaattacttccacctggctgcagtacgtgattcttgatcc cgagcttcgggttggaagtgggtgggagagttcgaggccttgcgcttaaggagccc cttcgcctcgtgcttgagttgaggcctggcctgggcgctggggccgccgcgtgcga atctggtggcaccttcgcgcctgtctcgctgctttcgataagtctctagccatttta aaatttttgatgacctgctgcgacgctttttttctggcaagatagtcttgtaaatg cgggccaagatctgcacactggtatttcggtttttggggccgcgggcggcgacggg gcccgtgcgtcccagcgcacatgttcggcgaggcggggcctgcgagcgcggccacc gagaatcggacgggggtagtctcaagctggccggcctgctctggtgcctggcctcg cgccgccgtgtatcgccccgccctgggcggcaaggctggcccggtcggcaccagtt gcgtgagcggaaagatggccgcttcccggccctgctgcagggagctcaaaatggag gacgcggcgctcgggagagcgggcgggtgagtcacccacacaaaggaaaagggcct ttccgtcctcagccgtcgcttcatgtgactccacggagtaccgggcgccgtccagg cacctcgattagttctcgagcttttggagtacgtcgtctttaggttgggggggaggg gttttatgcgatggagtttccccacactgagtgggtggagactgaagttaggccag cttggcacttgatgtaattctccttggaatttgccctttttgagtttggatcttgg ttcattctcaagcctcagacagtggttcaaagtttttttcttccatttcaggtgtc gtgagggattcgaaccggtgccgccaccATGGAATTCTCTAGCCCATCTAGAGAGG AATGTCCTAAGCCTCTGTCAAGAGTGTCCATCATGGCCGGCAGCCTGACAGGCCTG CTGCTGCTGCAGGCCGTGTCCTGGGCCAGTGGAGCCCGGCCCTGCATCCCTAAGTC	1813

[0776]

	CTTCGGCTATTCTAGCGTGGTCTGCGTGTGTAATGCCACTTACTGCGACAGCTTCG ACCCTCCTACCTTCCCCGCCCTTGGAACATTCAGCAGATACGAGAGCACCAGAAGC GGCAGAAGAATGGAACTGAGCATGGGCCCAATCCAGGCCAACCACACCGGCACCGG CCTGCTGCTGACACTGCAACCTGAGCAGAAGTTCCAGAAGGTGAAGGGATTTGGAG GCGCCATGACCGACGCTGCTGCTCTGAACATCCTGGCCCTCTCCCCACCTGCTCAG AACCTGCTGCTTAAAAGCTACTTCAGCGAGGAAGGCATCGGCTATAACATCATCAG AGTGCCCATGGCCAGCTGCGACTTCAGCATCAGAACATACACCTACGCCGATACAC CTGATGACTTCCAACTGCACAACTTCAGCCTGCCTGAAGAGGACACAAAGCTGAAA ATCCCCCTGATCCACCGGGCCCTGCAGCTGGCCCAGAGACCTGTGAGCCTGCTGGC CTCTCCTTGGACAAGCCCCACCTGGCTGAAGACCAATGGAGCTGTGAACGGCAAGG GCAGCCTGAAGGGCCAGCCCGGCGACATCTACCACCAAACCTGGGCTCGCTACTTC GTGAAATTCCTGGACGCCTACGCTGAGCATAAGCTGCAATTTTGGGCCGTTACAGC CGAGAACGAGCCTTCTGCCGGCCTGCTGTCTGGATATCCTTTCCAGTGCCTGGGCT TCACCCCTGAGCACCAGAGAGACTTTATCGCCAGAGATCTGGGGCCTACCCTGGCT AACAGCACACACCACAACGTGCGGCTGCTGATGCTGGACGATCAGAGGCTGCTGCT CCCCCACTGGGCCAAGGTGGTGCTGACAGATCCGGAGGCCGCCAAATACGTGCACG GCATCGCCGTCCACTGGTACCTGGATTTCCTGGCCCCTGCCAAGGCCACCCTGGGC GAGACACATAGACTGTTTCCTAATACCATGCTGTTCGCCAGCGAGGCCTGCGTGGG CAGCAAGTTCTGGGAACAGAGCGTGCGGCTGGGCAGCTGGGACAGAGGAATGCAGT ACAGCCACAGCATCATTACCAACCTGCTGTACCACGTGGTGGGCTGGACCGACTGG AACCTGGCCCTGAACCCCGAAGGCGGCCCCAACTGGGTGCGGAACTTCGTGGACTC TCCTATCATCGTGGATATTACCAAGGATACCTTTTACAAGCAGCCTATGTTCTACC ACCTGGGCCACTTCAGCAAGTTCATCCCTGAGGGCTCTCAGCGGGTGGGCCTGGTG GCCTCTCAGAAAAACGACCTGGATGCCGTTGCCCTGATGCACCCCGACGGCAGCGC CGTGGTGGTCGTCCTGAATAGAAGCTCCAAGGACGTGCCTCTGACCATCAAGGACC CCGCTGTGGGATTTCTGGAAACCATCAGCCCTGGCTACAGCATCCACACCTACCTG TGGCGGCGGCAGtagtaactcgaggacggggtgaactacgcctgaggatccgatct ttttccctctgccaaaaattatggggacatcatgaagccccttgagcatctgactt ctggctaataaaggaaatttatttttcattgcaatagtgtgttggaatttttttgtgt ctctcactcggcctaggtagataagtagcatggcgggttaatcattaactacaagg aacccctagtgatggagttggccactccctctctgcgcgctcgctcgctcactgag gccgggcgaccaaaggtcgcccgacgcccgggctttgcccgggcggcctcagtgag cgagcgagcgcgcag	
GBA_VG27	ctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgcccgggcaaagcccgggcgtcgggcgac ctttggtcgcccggcctcagtgagcgagcgagcgcgcagagagggagtggccaact ccatcactaggggttcctTGTAGTTAATGATTAACCCGCCATGCTACTTATCTACC AGGGTAATGGGGATCCTCTAGAACTATAGCTAGTCGACATTGATTATTGACTAGTT ATTAATAGTAATCAATTACGGGGTCATTAGTTCATAGCCCATATATGGAGTTCCGC GTTACATAACTTACGGTAAATGGCCCGCCTGGCTGACCGCCCAACGACCCCCGCCC ATTGACGTCAATAATGACGTATGTTCCCATAGTAACGCCAATAGGGACTTTCCATT GACGTCAATGGGTGGAGTATTTACGGTAAACTGCCCACTTGGCAGTACATCAAGTG TATCATATGCCAAGTACGCCCCCTATTGACGTCAATGACGGTAAATGGCCCGCCTG GCATTATGCCCAGTACATGACCTTATGGGACTTTCCTACTTGGCAGTACATCTACG TATTAGTCATCGCTATTACCATGTCGAGGccacgttctgcttcactctccccatct ccccccctccccacccccaattttgtatttatttatttttttaattattttgtgca gcgatgggggcgggggggggggcgcgcgccaggcgggggcgggggcgggggcgagggg cggggcgggggcgaggcggagaggtgcggcggcagccaatcagagcggcgcgctccg aaagtttccttttatggcgaggcggcggcggcggcggccctataaaaagcgaagcg cgcggcgggCGGGAGCAAGCTTCGTTTAGTGAACCGtcagatcgcctggagacgcc atccacgctgttttgacctccatagaagacaccgggaccgatccagcctccgcgga ttcgaatcccggccgggaacggtgcattggaacgcggattccccgtgccaagagtg acgtaagtaccgcctatagagtctataggcccacaaaaaatgctttcttcttttaa tatacttttttgtttatcttatttctaatactttccctaatctctttctttcaggg caataatgatacaatgtatcatgcctctttgcaccattctaaagaataacagtgat	1822

[0777]

	aatttctgggttaaggcaatagcaatatttctgcatataaatatttctgcatataa attgtaactgatgtaagaggtttcatattgctaatagcagctacaatccagctacc attctgcttttatttttatggttgggataaggctggattattctgagtccaagctag gccctttttgctaatcatgttcatacctcttatcttcctcccacagctcctgggcaa cgtgctggtctgtgtgctggcccatcactttggcaaagaattGGGATTCGAACCGG TGCCGCCACCATGGAATTCTCTAGCCCATCTAGAGAGGAATGTCCTAAGCCTCTGT CAAGAGTGTCCATCATGGCCGGCAGCCTGACAGGCCTGCTGCTGCTGCAGGCCGTG TCCTGGGCCAGTGGAGCCCGGCCCTGCATCCCTAAGTCCTTCGGCTATTCTAGCGT GGTCTGCGTGTGTAATGCCACTTACTGCGACAGCTTCGACCCTCCTACCTTCCCCG CCCTTGGAACATTCAGCAGATACGAGAGCACCAGAAGCGGCAGAAGAATGGAACTG AGCATGGGCCCAATCCAGGCCAACCACACCGGCACCGGCCTGCTGCTGACACTGCA ACCTGAGCAGAAGTTCCAGAAGGTGAAGGGATTTGGAGGCGCCATGACCGACGCTG CTGCTCTGAACATCCTGGCCCTCTCCCCACCTGCTCAGAACCTGCTGCTTAAAAGC TACTTCAGCGAGGAAGGCATCGGCTATAACATCATCAGAGTGCCCATGGCCAGCTG CGACTTCAGCATCAGAACATACACCTACGCCGATACACCTGATGACTTCCAACTGC ACAACTTCAGCCTGCCTGAAGAGGACACAAAGCTGAAAATCCCCCTGATCCACCGG GCCCTGCAGCTGGCCCAGAGACCTGTGAGCCTGCTGGCCTCTCCTTGGACAAGCCC CACCTGGCTGAAGACCAATGGAGCTGTGAACGGCAAGGGCAGCCTGAAGGGCCAGC CCGGCGACATCTACCACCAAACCTGGGCTCGCTACTTCGTGAAATTCCTGGACGCC TACGCTGAGCATAAGCTGCAATTTTGGGCCGTTACAGCCGAGAACGAGCCTTCTGC CGGCCTGCTGTCTGGATATCCTTTCCAGTGCCTGGGCTTCACCCCTGAGCACCAGA GAGACTTTATCGCCAGAGATCTGGGGCCTACCCTGGCTAACAGCACACACCACAAC GTGCGGCTGCTGATGCTGGACGATCAGAGGCTGCTGCTCCCCCACTGGGCCAAGGT GGTGCTGACAGATCCGGAGGCCGCCAAATACGTGCACGGCATCGCCGTCCACTGGT ACCTGGATTTCCTGGCCCCTGCCAAGGCCACCCTGGGCGAGACACATAGACTGTTT CCTAATACCATGCTGTTCGCCAGCGAGGCCTGCGTGGGCAGCAAGTTCTGGGAACA GAGCGTGCGGCTGGGCAGCTGGGACAGAGGAATGCAGTACAGCCACAGCATCATTA CCAACCTGCTGTACCACGTGGTGGGCTGGACCGACTGGAACCTGGCCCTGAACCCC GAAGGCGGCCCCAACTGGGTGCGGAACTTCGTGGACTCTCCTATCATCGTGGATAT TACCAAGGATACCTTTTACAAGCAGCCTATGTTCTACCACCTGGGCCACTTCAGCA AGTTCATCCCTGAGGGCTCTCAGCGGGTGGGCCTGGTGGCCTCTCAGAAAAACGAC CTGGATGCCGTTGCCCTGATGCACCCCGACGGCAGCGCCGTGGTGGTCGTCCTGAA TAGAAGCTCCAAGGACGTGCCTCTGACCATCAAGGACCCCGCTGTGGGATTTCTGG AAACCATCAGCCCTGGCTACAGCATCCACACCTACCTGTGGCGGCGGCAGAgaaag aggcgagagggcagaggaagtcttctaacatgcggtgacgtggaggagaatcccgg ccctATGTACGCCCTCTTCCTCCTGGCCAGCCTCCTGGGCGCGGCTCTAGCCgtga aagagatgcccatgcagactctggtccccgccaaagtggcctccaagaatgtcatc cctgccctggaactggtggagcccattaagaagcacgaggtcccagcaaagtctga tgtttactgtgaggtgtgtgaattcctggtgaaggaggtgaccaagctgattgaca acaacaagactgagaaagaaatactcgacgcttttgacaaaatgtgctcgaagctg ccgaagtccctgtcggaagagtgccaggaggtggtggacacgtacggcagctccat cctgtccatcctgctggaggaggtcagccctgagctggtgtgcagcatgctgcacc tctgctctggcTAGTAACTCGAGGACGGGGTGAACTACGCCTGAGGATCCgatctt tttccctctgccaaaaattatggggacatcatgaagccccttgagcatctgacttc tggctaataaaggaaatttattttcattgcaatagtgtgttggaatttttgtgtc tctcactcgGCCTAGGTAGATAAGTAGCATGGCGGGTTAATCATTAACTACAagga acccctagtgatggagttggccactccctctctgcgcgctcgctcgctcactgagg ccgggcgaccaaaggtcgcccgacgcccgggctttgcccgggcggcctcagtgagc gagcgagcgcgcag	
GBA_VG29	ctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgcccgggcaaagcccgggcgtcgggcgac ctttggtcgcccggcctcagtgagcgagcgagcgcgcagagagggagtggccaact ccatcactaggggttcctTGTAGTTAATGATTAACCCGCCATGCTACTTATCTACC AGGGTAATGGGGATCCTCTAGAACTATAGCTAGTCGACATTGATTATTGACTAGTT ATTAATAGTAATCAATTACGGGGTCATTAGTTCATAGCCCATATATGGAGTTCCGC	1824

[0778]

GTTACATAACTTACGGTAAATGGCCCGCCTGGCTGACCGCCCAACGACCCCCGCCC
ATTGACGTCAATAATGACGTATGTTCCCATAGTAACGCCAATAGGGACTTTCCATT
GACGTCAATGGGTGGAGTATTTACGGTAAACTGCCCACTTGGCAGTACATCAAGTG
TATCATATGCCAAGTACGCCCCCTATTGACGTCAATGACGGTAAATGGCCCGCCTG
GCATTATGCCCAGTACATGACCTTATGGGACTTTCCTACTTGGCAGTACATCTACG
TATTAGTCATCGCTATTACCATGTCGAGGccacgttctgcttcactctccccatct
ccccccctccccacccccaattttgtatttatttatttttttaattattttgtgca
gcgatgggggcgggggggggggcgcgcgccaggcggggcggggcggggcgagggg
cggggcgggggcgaggcggagaggtgcggcggcagccaatcagagcggcgcgctccg
aaagtttccttttatggcgaggcggcggcggcggcggccctataaaaagcgaagcg
cgcggcgggCGGGAGCAAGCTTCGTTTAGTGAACCGtcagatcgcctggagacgcc
atccacgctgttttgacctccatagaagacaccgggaccgatccagcctccgcgga
ttcgaatcccggccgggaacggtgcattggaacgcggattccccgtgccaagagtg
acgtaagtaccgcctatagagtctataggcccacaaaaaatgctttcttcttttaa
tatacttttttgtttatcttatttctaatactttccctaatctctttctttcaggg
caataatgatacaatgtatcatgcctctttgcaccattctaaagaataacagtgat
aatttctgggttaaggcaatagcaatatttctgcatataaatatttctgcatataa
attgtaactgatgtaagaggtttcatattgctaatagcagctacaatccagctacc
attctgcttttattttatggttgggataaggctggattattctgagtccaagctag
gccctttttgctaatcatgttcatacctcttatcttcctcccacagctcctgggcaa
cgtgctggtctgtgtgctggcccatcactttggcaaagaattGGGATTCGAACCGG
TGCCGCCACCATGGAATTCTCTAGCCCATCTAGAGAGGAATGTCCTAAGCCTCTGT
CAAGAGTGTCCATCATGGCCGGCAGCCTGACAGGCCTGCTGCTGCTGCAGGCCGTG
TCCTGGGCCAGTGGAatgaaggagaccgctgctgcaaagttcgagagacagcatat
ggatagctccacaagcgccgcaGCCCGGCCCTGCATCCCTAAGTCCTTCGGCTATT
CTAGCGTGGTCTGCGTGTGTAATGCCACTTACTGCGACAGCTTCGACCCTCCTACC
TTCCCCGCCCTTGGAACATTCAGCAGATACGAGAGCACCAGAAGCGGCAGAAGAAT
GGAACTGAGCATGGGCCCAATCCAGGCCAACCACACCGGCACCGGCCTGCTGCTGA
CACTGCAACCTGAGCAGAAGTTCCAGAAGGTGAAGGGATTTGGAGGCGCCATGACC
GACGCTGCTGCTCTGAACATCCTGGCCCTCTCCCCACCTGCTCAGAACCTGCTGCT
TAAAAGCTACTTCAGCGAGGAAGGCATCGGCTATAACATCATCAGAGTGCCCATGG
CCAGCTGCGACTTCAGCATCAGAACATACACCTACGCCGATACACCTGATGACTTC
CAACTGCACAACTTCAGCCTGCCTGAAGAGGACACAAAGCTGAAAATCCCCCTGAT
CCACCGGGCCCTGCAGCTGGCCCAGAGACCTGTGAGCCTGCTGGCCTCTCCTTGGA
CAAGCCCCACCTGGCTGAAGACCAATGGAGCTGTGAACGGCAAGGGCAGCCTGAAG
GGCCAGCCCGGCGACATCTACCACCAAACCTGGGCTCGCTACTTCGTGAAATTCCT
GGACGCCTACGCTGAGCATAAGCTGCAATTTTGGGCCGTTACAGCCGAGAACGAGC
CTTCTGCCGGCCTGCTGTCTGGATATCCTTTCCAGTGCCTGGGCTTCACCCCTGAG
CACCAGAGAGACTTTATCGCCAGAGATCTGGGGCCTACCCTGGCTAACAGCACACA
CCACAACGTGCGGCTGCTGATGCTGGACGATCAGAGGCTGCTGCTCCCCCACTGGG
CCAAGGTGGTGCTGACAGATCCGGAGGCCGCCAAATACGTGCACGGCATCGCCGTC
CACTGGTACCTGGATTTCCTGGCCCCTGCCAAGGCCACCCTGGGCGAGACACATAG
ACTGTTTCCTAATACCATGCTGTTCGCCAGCGAGGCCTGCGTGGGCAGCAAGTTCT
GGGAACAGAGCGTGCGGCTGGGCAGCTGGGACAGAGGAATGCAGTACAGCCACAGC
ATCATTACCAACCTGCTGTACCACGTGGTGGGCTGGACCGACTGGAACCTGGCCCT
GAACCCCGAAGGCGGCCCCAACTGGGTGCGGAACTTCGTGGACTCTCCTATCATCG
TGGATATTACCAAGGATACCTTTTACAAGCAGCCTATGTTCTACCACCTGGGCCAC
TTCAGCAAGTTCATCCCTGAGGGCTCTCAGCGGGTGGGCCTGGTGGCCTCTCAGAA
AAACGACCTGGATGCCGTTGCCCTGATGCACCCCGACGGCAGCGCCGTGGTGGTCG
TCCTGAATAGAAGCTCCAAGGACGTGCCTCTGACCATCAAGGACCCCGCTGTGGGA
TTTCTGGAAACCATCAGCCCTGGCTACAGCATCCACACCTACCTGTGGCGGCGGCA
GTAGTAACTCGAGGACGGGGTGAACTACGCCTGAGGATCCgatctttttccctctg
ccaaaaattatggggacatcatgaagccccttgagcatctgacttctggctaataa
aggaaatttattttcattgcaatagtgtgttggaatttttttgtgtctctcactcgG

[0779]

	CCTAGGTAGATAAGTAGCATGGCGGGTTAATCATTAACTACAaggaacccctagtg atggagttggccactccctctctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgggcgacc aaaggtcgcccgacgcccgggctttgcccgggcggcctcagtgagcgagcgagcgc gcag	
GBA_VG32	ctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgcccgggcaaagcccgggcgtcgggcgac ctttggtcgcccggcctcagtgagcgagcgagcgcgcagagagggagtggccaact ccatcactaggggttcctTGTAGTTAATGATTAACCCGCCATGCTACTTATCTACC AGGGTAATGGGGATCCTCTAGAACTATAGCTAGTCGACATTGATTATTGACTAGTT ATTAATAGTAATCAATTACGGGGTCATTAGTTCATAGCCCATATATGGAGTTCCGC GTTACATAACTTACGGTAAATGGCCCGCCTGGCTGACCGCCCAACGACCCCCGCCC ATTGACGTCAATAATGACGTATGTTCCCATAGTAACGCCAATAGGGACTTTCCATT GACGTCAATGGGTGGAGTATTTACGGTAAACTGCCCACTTGGCAGTACATCAAGTG TATCATATGCCAAGTACGCCCCCTATTGACGTCAATGACGGTAAATGGCCCGCCTG GCATTATGCCCAGTACATGACCTTATGGGACTTTCCTACTTGGCAGTACATCTACG TATTAGTCATCGCTATTACCATGTCGAGGccacgttctgcttcactctccccatct ccccccccctccccaccccccaattttgtatttatttatttttttaattattttgtgca gcgatgggggcgggggggggggggcgcgcgccaggcggggcggggcgggggcgagggg cggggcgggggcgaggcggagaggtgcggcggcagccaatcagagcggcgcgctccg aaagtttccttttatggcgaggcggcggcggcggcggccctataaaaagcgaagcg cgcggcgggCGGGAGCAAGCTTCGTTTAGTGAACCGtcagatcgcctggagacgcc atccacgctgttttgacctccatagaagacaccgggaccgatccagcctccgcggga ttcgaatcccggccgggaacggtgcattggaacgcggattccccgtgccaagagtg acgtaagtaccgcctatagagtctataggcccacaaaaaatgctttcttcttttaa tatacttttttgtttatcttatttctaatactttccctaatctctttctttcaggg caataatgatacaatgtatcatgcctctttgcaccattctaaagaataacagtgat aatttctgggttaaggcaatagcaatatttctgcatataaatatttctgcatataa attgtaactgatgtaagaggtttcatattgctaatagcagctacaatccagctacc attctgcttttattttatggttgggataaggctggattattctgagtccaagctag gccctttttgctaatcatgttcatacctcttatcttcctcccacagctcctgggcaa cgtgctggtctgtgtgctggcccatcactttggcaaagaattGGGATTCGAACCGG TGCCGCCACCATGGAATTCTCTAGCCCATCTAGAGAGGAATGTCCTAAGCCTCTGT CAAGAGTGTCCATCATGGCCGGCAGCCTGACAGGCCTGCTGCTGCTGCAGGCCGTG TCCTGGGCCAGTGGAGCCCGGCCCTGCATCCCTAAGTCCTTCGGCTATTCTAGCGT GGTCTGCGTGTGTAATGCCACTTACTGCGACAGCTTCGACCCTCCTACCTTCCCCG CCCTTGGAACATTCAGCAGATACGAGAGCACCAGAAGCGGCAGAAGAATGGAACTG AGCATGGGCCCAATCCAGGCCAACCACACCGGCACCGGCCTGCTGCTGACACTGCA ACCTGAGCAGAAGTTCCAGAAGGTGAAGGGATTTGGAGGCGCCATGACCGACGCTG CTGCTCTGAACATCCTGGCCCTCTCCCCACCTGCTCAGAACCTGCTGCTTAAAAGC TACTTCAGCGAGGAAGGCATCGGCTATAACATCATCAGAGTGCCCATGGCCAGCTG CGACTTCAGCATCAGAACATACACCTACGCCGATACACCTGATGACTTCCAACTGC ACAACTTCAGCCTGCCTGAAGAGGACACAAAGCTGAAAATCCCCCTGATCCACCGG GCCCTGCAGCTGGCCCAGAGACCTGTGAGCCTGCTGGCCTCTCCTTGGACAAGCCC CACCTGGCTGAAGACCAATGGAGCTGTGAACGGCAAGGGCAGCCTGAAGGGCCAGC CCGGCGACATCTACCACCAAACCTGGGCTCGCTACTTCGTGAAATTCCTGGACGCC TACGCTGAGCATAAGCTGCAATTTTGGGCCGTTACAGCCGAGAACGAGCCTTCTGC CGGCCTGCTGTCTGGATATCCTTTCCAGTGCCTGGGCTTCACCCCTGAGCACCAGA GAGACTTTATCGCCAGAGATCTGGGGCCTACCCTGGCTAACAGCACACACCACAAC GTGCGGCTGCTGATGCTGGACGATCAGAGGCTGCTGCTCCCCCACTGGGCCAAGGT GGTGCTGACAGATCCGGAGGCCGCCAAATACGTGCACGGCATCGCCGTCCACTGGT ACCTGGATTTCCTGGCCCCTGCCAAGGCCACCCTGGGCGAGACACATAGACTGTTT CCTAATACCATGCTGTTCGCCAGCGAGGCCTGCGTGGGCAGCAAGTTCTGGGAACA GAGCGTGCGGCTGGGCAGCTGGGACAGAGGAATGCAGTACAGCCACAGCATCATTA CCAACCTGCTGTACCACGTGGTGGGCTGGACCGACTGGAACCTGGCCCTGAACCCC GAAGGCGGCCCCAACTGGGTGCGGAACTTCGTGGACTCTCCTATCATCGTGGATAT	1827

[0780]

	TACCAAGGATACCTTTTACAAGCAGCCTATGTTCTACCACCTGGGCCACTTCAGCA AGTTCATCCCTGAGGGCTCTCAGCGGGTGGGCCTGGTGGCCTCTCAGAAAAACGAC CTGGATGCCGTTGCCCTGATGCACCCCGACGGCAGCGCCGTGGTGGTCGTCCTGAA TAGAAGCTCCAAGGACGTGCCTCTGACCATCAAGGACCCCGCTGTGGGATTTCTGG AAACCATCAGCCCTGGCTACAGCATCCACACCTACCTGTGGCGGCGGCAGGGAGGG GGGGGTTCGGGTGGCGGCGGAAGTGGGGGCGGTGGTTCTtatggcaggaaaaagcg gaggcaaaggcgccgccccccccagTAGTAACTCGAGGACGGGGTGAACTACGCCT GAGGATCCgatctttttccctctgccaaaaattatggggacatcatgaagcccctt gagcatctgacttctggctaataaaggaaatttattttcattgcaatagtgtgttg gaatttttttgtgtctctcactcgGCCTAGGTAGATAAGTAGCATGGCGGGTTAATC ATTAACTACAaggaaccctagtgatggagttggccactccctctctgcgcgctcg ctcgctcactgaggccgggcgaccaaaggtcgcccgacgcccgggctttgcccggg cggcctcagtgagcgagcgagcgcgcag	
GBA_VG33	ctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgcccgggcaaagcccgggcgtcgggcgac ctttggtcgcccggcctcagtgagcgagcgagcgcgcagagagggagtggccaact ccatcactaggggttccttGTAGTTAATGATTAACCCGCCATGCTACTTATCTACC AGGGTAATGGGGATCCTCTAGAACTATAGCTAGTCGACATTGATTATTGACTAGTT ATTAATAGTAATCAATTACGGGGTCATTAGTTCATAGCCCATATATGGAGTTCCGC GTTACATAACTTACGGTAAATGGCCCGCCTGGCTGACCGCCCAACGACCCCCGCCC ATTGACGTCAATAATGACGTATGTTCCCATAGTAACGCCAATAGGGACTTTCCATT GACGTCAATGGGTGGAGTATTTACGGTAAACTGCCCACTTGGCAGTACATCAAGTG TATCATATGCCAAGTACGCCCCCTATTGACGTCAATGACGGTAAATGGCCCGCCTG GCATTATGCCCAGTACATGACCTTATGGGACTTTCCTACTTGGCAGTACATCTACG TATTAGTCATCGCTATTACCATGTCGAGGccacgttctgcttcactctccccatct ccccccctccccacccccaattttgtatttatttatttttttaattattttgtgca gcgatgggggcgggggggggggggcgcgcgccaggcggggcggggcggggcgagggg cggggcggggcgaggcggagaggtgcggcggcagccaatcagagcggcgcgctccg aaagtttccttttatggcgaggcggcggcggcggcggccctataaaaagcgaagcg cgcggcgggCGGGAGCAAGCTTCGTTTAGTGAACCGtcagatcgcctggagacgcc atccacgctgttttgacctccatagaagacaccgggaccgatccagcctccgcgga ttcgaatcccggccgggaacggtgcattggaacgcggattccccgtgccaagagtg acgtaagtaccgcctatagagtctataggcccacaaaaaatgctttcttcttttaa tatacttttttgtttatcttatttctaatactttccctaatctctttctttcaggg caataatgatacaatgtatcatgcctctttgcaccattctaaagaataacagtgat aatttctgggttaaggcaatagcaatatttctgcatataaatatttctgcatataa attgtaactgatgtaagaggtttcatattgctaatagcagctacaatccagctacc attctgcttttatttatggttgggataaggctggattattctgagtccaagctag gccctttttgctaatcatgttcatacctcttatcttcctcccacagctcctgggcaa cgtgctggtctgtgtgctggcccatcactttggcaaagaattGGGATTCGAACCGG TGCCGCCACCATGGAATTCTCTAGCCCATCTAGAGAGGAATGTCCTAAGCCTCTGT CAAGAGTGTCCATCATGGCCGGCAGCCTGACAGGCCTGCTGCTGCTGCAGGCCGTG TCCTGGGCCAGTGGAGCCCGGCCCTGCATCCCTAAGTCCTTCGGCTATTCTAGCGT GGTCTGCGTGTGTAATGCCACTTACTGCGACAGCTTCGACCCTCCTACCTTCCCCG CCCTTGGAACATTCAGCAGATACGAGAGCACCAGAAGCGGCAGAAGAATGGAACTG AGCATGGGCCCAATCCAGGCCAACCACACCGGCACCGGCCTGCTGCTGACACTGCA ACCTGAGCAGAAGTTCCAGAAGGTGAAGGGATTTGGAGGCGCCATGACCGACGCTG CTGCTCTGAACATCCTGGCCCTCTCCCCACCTGCTCAGAACCTGCTGCTTAAAAGC TACTTCAGCGAGGAAGGCATCGGCTATAACATCATCAGAGTGCCCATGGCCAGCTG CGACTTCAGCATCAGAACATACACCTACGCCGATACACCTGATGACTTCCAACTGC ACAACTTCAGCCTGCCTGAAGAGGACACAAAGCTGAAAATCCCCCTGATCCACCGG GCCCTGCAGCTGGCCCAGAGACCTGTGAGCCTGCTGGCCTCTCCTTGGACAAGCCC CACCTGGCTGAAGACCAATGGAGCTGTGAACGGCAAGGGCAGCCTGAAGGGCCAGC CCGGCGACATCTACCACCAAACCTGGGCTCGCTACTTCGTGAAATTCCTGGACGCC TACGCTGAGCATAAGCTGCAATTTTGGGCCGTTACAGCCGAGAACGAGCCTTCTGC	1828

[0781]

	CGGCCTGCTGTCTGGATATCCTTTCCAGTGCCTGGGCTTCACCCCTGAGCACCAGA GAGACTTTATCGCCAGAGATCTGGGGCCTACCCTGGCTAACAGCACACACCACAAC GTGCGGCTGCTGATGCTGGACGATCAGAGGCTGCTGCTCCCCCACTGGGCCAAGGT GGTGCTGACAGATCCGGAGGCCGCCAAATACGTGCACGGCATCGCCGTCCACTGGT ACCTGGATTTCCTGGCCCCTGCCAAGGCCACCCTGGGCGAGACACATAGACTGTTT CCTAATACCATGCTGTTCGCCAGCGAGGCCTGCGTGGGCAGCAAGTTCTGGGAACA GAGCGTGCGGCTGGGCAGCTGGGACAGAGGAATGCAGTACAGCCACAGCATCATTA CCAACCTGCTGTACCACGTGGTGGGCTGGACCGACTGGAACCTGGCCCTGAACCCC GAAGGCGGCCCCAACTGGGTGCGGAACTTCGTGGACTCTCCTATCATCGTGGATAT TACCAAGGATACCTTTTACAAGCAGCCTATGTTCTACCACCTGGGCCACTTCAGCA AGTTCATCCCTGAGGGCTCTCAGCGGGTGGGCCTGGTGGCCTCTCAGAAAAACGAC CTGGATGCCGTTGCCCTGATGCACCCCGACGGCAGCGCCGTGGTGGTCGTCCTGAA TAGAAGCTCCAAGGACGTGCCTCTGACCATCAAGGACCCCGCTGTGGGATTTCTGG AAACCATCAGCCCTGGCTACAGCATCCACACCTACCTGTGGCGGCGGCAGTAGTAA CCTCGAGGTACCAGGAGCTCTTCTCCTAGTGAATTCTACCAGTGCCATAGATAGTT AAGTGAATTCTACCAGTGCCATAGATAGTTAAGTGAATTCTACCAGTGCCATAGAT AGTTAAGTGAATTCTACCAGTGCCATACTGCAGTCAGGTCTATACCATCGAGGACG GGGTGAACTACGCCTGAGGATCCgatcttttttcctctgccaaaaattatggggac atcatgaagcccctttgagcatctgacttctggctaataaaggaaatttatttttcat tgcaatagtgtgttggaatttttttgtgtctctcactcgGCCTAGGTAGATAAGTAG CATGGCGGGTTAATCATTAACTACAaggaaccctagtgatggagttggccactcc ctctctgcgcgctcgctcgctcactgaggccgggcgaccaaaggtcgcccgacgcc cgggctttgcccgggcggcctcagtgagcgagcgagcgcgcag	

[0782]

[0783] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 바이러스 게놈은, 예를 들어, 표 20, 21 또는 29 내지 32에 기재된 바와 같은 모든 성분 또는 성분의 조합을 포함하는 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다.

표 20

ITR 간 서열 내 서열 영역

서열 영역	GBA_VG17(서열번호 1812)		
	영역 서열번호	영역 길이	서열번호 1812 에서의 위치
5' ITR	1829	130	1-130
CMVie	1831	380	204-583
CB 프로모터	1834	260	590-849
인트론	1842	566	877-1442
신호 서열	1850	117	1467-1583
GBA 변이체 1 코딩 서열	1773	1,491	1584-3074
폴리 A	1846	127	3114-3240
3' ITR	1830	130	3284-3413

[0784]

[0785] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 서열번호 1812의 뉴클레오타이드 서열(GBA_VG17) 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 서열번호 1812의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 서열번호 1812의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 5'에서 3' 순서로: 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 5' ITR 서열 영역; 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CMVie 인핸서; 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CB 프로모터; 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인트론; 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 폴리아데닐화 서열; 및 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 3' ITR 서열 영역을 포함한다.

[0786] 일부 실시형태에서, 서열번호 1812의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화한다.

표 29

ITR 간 서열 내 서열 영역

서열 영역	GBA_VG18(서열번호 1813)		
	영역 서열번호	영역 길이	서열번호 1813 에서의 위치
5' ITR	1829	130	1-130
EF-1α 프로모터 변이체 2	1839	1189	216-1404
신호 서열	1850	117	1429-1545
GBA 변이체 1 코딩 서열	1773	1,491	1546-3063
폴리 A	1846	127	3076-3202
3' ITR	1830	130	3246-3375

[0787]

[0788] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 서열번호 1813(GBA_VG18)의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 서열번호 1813의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 서열번호 1813의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 5'에서 3' 순서로: 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 5' ITR 서열 영역; 서열번호 1839의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 EF-1α 프로모터 변이체; 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 폴리아데닐화 서열; 및 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 3' ITR 서열 영역을 포함한다.

[0789] 일부 실시형태에서, 서열번호 1813의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화한다.

표 30

ITR 간 서열 내 서열 영역

서열 영역	GBA_VG27(서열번호 1822)		
	영역 서열번호	영역 길이	서열번호 1822 에서의 위치
5' ITR	1829	130	1-130
CMVie	1831	380	204-583
CB 프로모터	1834	260	590-849
인트론	1842	566	877-1442
신호 서열	1850	117	1467-1583
GBA 변이체 1 코딩 서열	1773	1,491	1584-3074
퓨린 절단 부위	1724	12	3075-3086
T2A	1726	54	3087-3140
신호 서열	1856	48	3141-3188
SAPC 코딩 서열	1787	351	3189-3539
폴리 A	1846	127	3579-3705
3' ITR	1830	130	3749-3878

[0790]

[0791] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 서열번호 1822(GBA_VG27)의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 서열번호 1822의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 서열번호 1822의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 5'에서 3' 순서로: 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 5' ITR 서열 영역; 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CMVie 인핸서; 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CB 프로모터; 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인트론; 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제1 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%,

95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1724의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1724에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 퓨린 절단 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1726의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1726에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 T2A 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1856의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 제2 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1787의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 SAPC 폴리펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 폴리아데닐화 서열; 및 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 3' ITR 서열 영역을 포함한다.

[0792] 일부 실시형태에서, 서열번호 1822의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화한다. 일부 실시형태에서, 서열번호 1822의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 서열번호 1789의 아미노산 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 아미노산 서열을 포함하는 SAPC 단백질을 암호화한다.

표 31

ITR 간 서열 내 서열 영역

[0793]

서열 영역	GBA_VG29(서열번호 1824)		
	영역 서열번호	영역 길이	서열번호 1824 에서의 위치
5' ITR	1829	130	1-130
CMVie	1831	380	204-583
CB 프로모터	1834	260	590-849
인트론	1842	566	877-1442
신호 서열	1850	117	1467-1583
리보솜 표적화 서열 2(LTS2)	1801	63	1584-1646
GBA 변이체 1 코딩 서열	1773	1,491	1647-3137
폴리 A	1846	127	3177-3303
3' ITR	1830	130	3347-3476

[0794] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 서열번호 1824(GBA_VG29)의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 서열번호 1824의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 서열번호 1824의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 5'에서 3' 순서로: 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 5' ITR 서열 영역; 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CMVie 인핸서; 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CB 프로모터; 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인트론; 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1801의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 라이소솜 표적화 서열 2(LTS2); 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%)

동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 폴리아데닐화 서열; 및 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 3' ITR 서열 영역을 포함한다.

[0795] 일부 실시형태에서, 서열번호 1824의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화한다.

표 32

ITR 간 서열 내 서열 영역

[0796]

서열 영역	GBA_VG32(서열번호 1827)		
	영역 서열번호	영역 길이	서열번호 1827 에서의 위치
5' ITR	1829	130	1-130
CMVie	1831	380	204-583
CB 프로모터	1834	260	590-849
인트론	1842	566	877-1442
신호 서열	1850	117	1467-1583
GBA 변이체 1 코딩 서열	1773	1,491	1584-3074
G4S3 링커	1730	45	3075-3119
TAT 코딩 서열	1793	42	3120-3161
폴리 A	1846	127	3201-3327
3' ITR	1830	130	3371-3500

[0797] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 서열번호 1827(GBA_VG32)의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 서열번호 1827의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 서열번호 1827의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 5'에서 3' 순서로: 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 5' ITR 서열 영역; 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CMVie 인핸서; 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CB 프로모터; 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인트론; 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1730의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 G4S3 링커를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1793의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 85%(예를 들어, 적어도 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 TAT 펩타이드를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 폴리아데닐화 서열; 및 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 3' ITR 서열 영역을 포함한다.

[0798] 일부 실시형태에서, 서열번호 1827의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화한다. 일부 실시형태에서, 서열번호 1827의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%,

90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 서열번호 1794의 아미노산 서열 또는 서열번호 1794에 비해 적어도 1개, 2개 또는 3개 그러나 4개 이하의 변형, 예를 들어, 치환을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 TAT 펩타이드를 암호화한다.

표 21

ITR 간 서열 내 서열 영역

서열 영역	GBA_VG33(서열번호 1828)		
	영역 서열번호	영역 길이	서열번호 1828 에서의 위치
5' ITR	1829	130	1-130
CMVie	1831	380	204-583
CB 프로모터	1834	260	590-849
인트론	1842	566	877-1442
신호 서열	1850	117	1467-1583
GBA 변이체 1 코딩 서열	1773	1,491	1584-3074
miR183 결합 부위	1847	22	3108-3129
스페이서	1848	8	3130-3137
miR183 결합 부위	1847	22	3138-3159
스페이서	1848	8	3160-3167
miR183 결합 부위	1847	22	3168-3189
스페이서	1848	8	3190-3197
miR183 결합 부위	1847	22	3198-3219
폴리 A	1846	127	3272-3398
3' ITR	1830	130	3442-3751

[0799]

[0800] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 서열번호 1828(GBA_VG33)의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈은 서열번호 1828의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 서열번호 1828의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 5'에서 3' 순서로: 서열번호 1829의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 5' ITR 서열 영역; 서열번호 1831의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CMVie 인핸서; 서열번호 1834의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 CB 프로모터; 서열번호 1842의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 인트론; 서열번호 1850의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 뉴클레오타이드 서열과 적어도 88%(예를 들어, 적어도 89%, 90%, 92%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 miR183 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 스페이서; 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 miR183 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 스페이서; 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 miR183 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1848의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1848의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형 그러나 4개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 스페이서; 서열번호 1847의 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1847의 적어도 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 또는 7개의 변형 그러나 10개 이하의 변형을 갖는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 miR183 결합 부위를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열; 서열번호 1846의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이

드 서열을 포함하는 폴리아데닐화 서열; 및 서열번호 1830의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 적어도 95% 동일한 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 3' ITR 서열 영역을 포함한다.

[0801] 일부 실시형태에서, 서열번호 1828의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈은 서열번호 1775의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 아미노산 서열을 포함하는 GBA 단백질을 암호화한다.

[0802] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 본 명세서에 기재된, 예를 들어, 표 18 내지 표 21 또는 표 29 내지 표 32에 기재된 바와 같은 임의의 바이러스 게놈의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 AAV 바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 캡시드 단백질, 예를 들어, 구조 단백질을 암호화하는 핵산을 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 VP1 폴리펩타이드, VP2 폴리펩타이드 및/또는 VP3 폴리펩타이드를 포함한다. 일부 실시형태에서, VP1 폴리펩타이드, VP2 폴리펩타이드 및/또는 VP3 폴리펩타이드는 적어도 하나의 Cap 유전자에 의해 암호화된다. 일부 실시형태에서, AAV 바이러스 게놈은 Rep 단백질, 예를 들어, 비구조 단백질을 암호화하는 핵산을 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, Rep 단백질은 Rep78 단백질, Rep68, Rep52 단백질 및/또는 Rep40 단백질을 포함한다. 일부 실시형태에서, Rep78 단백질, Rep68 단백질, Rep52 단백질 및/또는 Rep40 단백질은 적어도 하나의 Rep 유전자에 의해 암호화된다.

[0803] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된, 예를 들어, 표 18 내지 표 21 또는 표 29 내지 표 32에 기재된 바와 같은 임의의 바이러스 게놈의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스를 포함하는 AAV 입자는 표 1로부터 선택되는 혈청형 또는 이들의 기능적 변이체를 갖는 캡시드 단백질을 포함, 예를 들어, 이에 패키징된다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 VOY101, VOY201, AAVPHP.N(PHP.N), AAVPHP.B(PHP.B), AAVPHP.A(PHP.A), PHP.B2, PHP.B3, G2B4, G2B5, AAV9, AAVrh10 또는 이들의 기능적 변이체를 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 VOY101 캡시드 단백질 또는 이들의 기능적 변이체를 포함한다.

[0804] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된, 예를 들어, 표 18 내지 표 21 또는 표 29 내지 표 32에 기재된 바와 같은 임의의 바이러스 게놈의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자는 서열번호 138의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 서열을 포함하는 캡시드 단백질을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 138의 아미노산 서열의 적어도 1개, 2개 또는 3개 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 137의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화된다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 138에 따라 넘버링된 K449번 위치에서의 아미노산 치환, 예를 들어, K449R 치환을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 TLAVPFK(서열번호 1262)의 아미노산 서열을 포함하는 삽입체를 포함하되, 삽입체는 서열번호 138에 따라 넘버링된 참조 서열에 대해 588번 위치 바로 뒤에 존재한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 138에 따라 넘버링된 587번 위치에 "A" 이외의 아미노산 및/또는 588번 위치에 "Q" 이외의 아미노산을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 138에 따라 넘버링된 A587D 및/또는 Q588G의 아미노산 치환을 포함한다.

[0805] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된, 예를 들어, 표 18 내지 표 21 또는 표 29 내지 표 32에 기재된 바와 같은 임의의 바이러스 게놈의 뉴클레오타이드 서열 또는 임의의 전술한 서열과 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자는 서열번호 1의 아미노산 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 서열을 포함하는 캡시드 단백질을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 1의 아미노산 서열의 적어도 1개, 2개 또는 3개 변형 그러나 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형을 갖는 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 캡시드 단백질은 서열번호 2의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적

어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화된다.

[0806] 본 개시내용은 일부 실시형태에서 위에서 확인된 바이러스 게놈을 포함하는 벡터, 세포 및/또는 AAV 입자를 제공한다.

[0807] *자가-상보적 및 단일 가닥 벡터*

[0808] 일부 실시형태에서, 본 개시내용에서 사용되는 AAV 벡터는 단일 가닥 벡터(single strand vector: ssAAV)이다.

[0809] 일부 실시형태에서, AAV 벡터는 자가-상보적 AAV 벡터(scAAV)일 수 있다. 예를 들어, 미국 특허 제7,465,583호 참조. scAAV 벡터는 함께 어닐링하여 이중 가닥 DNA를 형성하는 두 DNA 가닥을 포함한다. scAAV는 두 번째 가닥의 합성을 건너뜀으로써 세포에서의 빠른 발현을 가능하게 한다.

[0810] 일부 실시형태에서, 본 개시내용에서 사용되는 AAV 벡터는 scAAV이다.

[0811] 슈도타이핑된 AAV 벡터와 같이 AAV 벡터를 생성하고/하거나 변형시키는 방법은 당업계에 개시되어 있다(국제 공개 제WO200028004호; 제WO200123001호; 제WO2004112727호; 제WO 2005005610호 및 제WO 2005072364호, 각각의 전체 내용은 참조에 의해 본 명세서에 원용됨).

[0812] *바이러스 게놈 크기*

[0813] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자의 바이러스 게놈은 단일 또는 이중 가닥일 수 있다. 벡터 게놈의 크기는 작은, 중간, 큰 또는 최대 크기일 수 있다.

[0814] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GCase 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 작은 단일 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 작은 단일 가닥 벡터 게놈은 약 2.7kb 내지 약 3.5kb의 크기, 예컨대, 약 2.7kb, 약 2.8kb, 약 2.9kb, 약 3.0kb, 약 3.1kb, 약 3.2kb, 약 3.3kb, 약 3.4kb 또는 약 3.5kb의 크기일 수 있다. 일부 실시형태에서, 작은 단일 가닥 벡터 게놈은 3.2kb의 크기일 수 있다.

[0815] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GCase 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 작은 이중 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 작은 이중 가닥 벡터 게놈은 약 1.3kb 내지 약 1.7kb의 크기, 예컨대, 약 1.3kb, 약 1.4kb, 약 1.5kb, 약 1.6kb 또는 약 1.7kb의 크기일 수 있다. 일부 실시형태에서, 작은 이중 가닥 벡터 게놈은 1.6kb의 크기일 수 있다.

[0816] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GCase 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 중간 단일 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 중간 단일 가닥 벡터 게놈은 약 3.6kb 내지 약 4.3kb의 크기, 예컨대, 약 3.6kb, 약 3.7kb, 약 3.8kb, 약 3.9kb, 약 4.0kb, 약 4.1kb, 약 4.2kb 또는 약 4.3kb의 크기일 수 있다. 일부 실시형태에서, 중간 단일 가닥 벡터 게놈은 4.0kb의 크기일 수 있다.

[0817] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GCase 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 중간 이중 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 중간 이중 가닥 벡터 게놈은 약 1.8kb 내지 약 2.1kb의 크기, 예컨대, 약 1.8kb, 약 1.9kb, 약 2.0kb 또는 약 2.1kb의 크기일 수 있다. 일부 실시형태에서, 중간 이중 가닥 벡터 게놈은 2.0kb의 크기일 수 있다. 추가적으로, 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 꼬리를 포함할 수 있다.

[0818] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GCase 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 큰 단일 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 큰 단일 가닥 벡터 게놈은 4.4kb 내지 6.0kb의 크기, 예컨대, 약 4.4kb, 4.5kb, 4.6kb, 4.7kb, 4.8kb, 4.9kb, 5.0kb, 5.1kb, 5.2kb, 5.3kb, 5.4kb, 5.5kb, 5.6kb, 5.7kb, 5.8kb, 5.9kb 및 6.0kb의 크기일 수 있다. 비제한적인 예로서, 큰 단일 가닥 벡터 게놈은 4.7kb의 크기일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 큰 단일 가닥 벡터 게놈은 4.8kb의 크기일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 큰 단일 가닥 벡터 게놈은 6.0kb의 크기일 수 있다.

[0819] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GCase 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 큰 이중 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 큰 이중 가닥 벡터 게놈은 2.2kb 내지 3.0kb의 크기, 예컨대, 약 2.2kb, 2.3kb, 2.4kb, 2.5kb, 2.6kb, 2.7kb, 2.8kb, 2.9kb 및 3.0kb의 크기일 수 있다. 비제한적인 예로서, 큰 이중 가닥 벡터 게놈은 2.4kb의 크기일 수 있다.

[0820] *백본*

[0821] 소정의 실시형태에서, 벡터 백본과 같은 시스-요소는, 예를 들어, GBA 단백질 또는 본 명세서에 기재된 GBA 단백질 및 강화 요소를 암호화하는 바이러스 입자에 혼입된다. 이론에 얽매이지 않고, 일부 실시형태에서, 백본

서열은 GBA 단백질 발현의 안정성 및/또는 GBA 단백질의 발현 수준에 기여할 수 있는 것으로 여겨진다.

[0822] 본 개시내용은 또한 일부 실시형태에서 세포, 예를 들어, 세균 세포에서 바이러스 게놈의 복제에 적합한 백본 영역(예를 들어, 백본 영역은 세균 복제 기점 및 선별 마커 중 하나 또는 둘 다를 포함함)인, 예를 들어, 표 18 내지 표 21 또는 표 29 내지 표 32의 임의의 바이러스 게놈의 뉴클레오타이드 서열 또는 이와 실질적으로 동일한(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 가짐) 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 게놈을 암호화하는 핵산을 제공한다.

[0823] **II. 바이러스 생산**

[0824] *일반적인 바이러스 생산 과정*

[0825] AAV, 예를 들어, rAAV 입자의 생산을 위한 세포는 일부 실시형태에서 포유동물 세포(예컨대, HEK293 세포) 및/또는 곤충 세포(예컨대, Sf9 세포)를 포함할 수 있다.

[0826] 다양한 실시형태에서, AAV 생산은 페이로드, 예를 들어, 페이로드 분자를 암호화하는 뉴클레오타이드를 포함하는 재조합 바이러스 작제물을 전달하기 위해 표적 세포와 접촉할 수 있는 AAV 입자 및 벡터를 생산하기 위한 과정 및 방법을 포함한다. 소정의 실시형태에서, 바이러스 벡터는 재조합 아데노-관련 바이러스(rAAV) 벡터와 같은 아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터이다. 소정의 실시형태에서, AAV 입자는 재조합 아데노-관련 바이러스(rAAV) 입자와 같은 아데노-관련 바이러스(AAV) 입자이다.

[0827] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 게놈을 포함하는 벡터가 본 명세서에 개시된다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 게놈을 포함하는 세포가 본 명세서에 개시된다. 일부 실시형태에서, 세포는 세균 세포, 포유동물 세포(예를 들어, HEK293 세포) 또는 곤충 세포(예를 들어, Sf9 세포)이다.

[0828] 일부 실시형태에서, 바이러스 게놈을 만드는 방법이 본 명세서에 개시된다. 방법은 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈을 암호화하는 핵산 및 세포, 예를 들어, 세균 세포에서 바이러스 게놈의 복제에 적합한 백본 영역(예를 들어, 백본 영역은 세균 복제 기점 및 선별 마커 중 하나 또는 둘 다를 포함함)을 제공하는 단계 및, 예를 들어, 바이러스 게놈의 상류 및 하류에서 핵산 분자를 절단함으로써 백본 영역으로부터 바이러스 게놈을 절제하는 단계를 포함한다. 일부 실시형태에서, GBA 단백질(예를 들어, 본 명세서에 기재된 GBA 단백질)을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산에 작동 가능하게 연결된 프로모터를 포함하는 바이러스 게놈은 세포에서 생산된 AAV 입자에 혼입될 것이다. 일부 실시형태에서, 세포는 세균 세포, 포유동물 세포(예를 들어, HEK293 세포) 또는 곤충 세포(예를 들어, Sf9 세포)이다.

[0829] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 재조합 AAV 입자를 제조하는 방법이 본 명세서에 개시되되, 해당 방법은 (i) 본 명세서에 기재된 바이러스 게놈을 포함하는 숙주 세포를 제공하고, 캡시드 단백질, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 캡시드 단백질(예를 들어, 표 1에 열거된 캡시드 단백질, 예를 들어, VOY101 캡시드 단백질 또는 이들의 기능적 변이체)에 바이러스 게놈을 밀봉시키는 데 적합한 조건하에서 숙주 세포를 인큐베이션함으로써 재조합 AAV 입자를 제조하는 단계를 포함한다. 일부 실시형태에서, 해당 방법은 (i) 단계 전에, 바이러스 게놈을 포함하는 제1 핵산을 세포에 도입시키는 단계를 포함한다. 일부 실시형태에서, 숙주 세포는 캡시드 단백질을 암호화하는 제2 핵산을 포함한다. 일부 실시형태에서, 제2 핵산은 제1 핵산 분자 이전에, 이와 동시에 또는 이후에 숙주 세포에 도입된다. 일부 실시형태에서, 숙주 세포는 세균 세포, 포유동물 세포(예를 들어, HEK293 세포) 또는 곤충 세포(예를 들어, Sf9 세포)이다.

[0830] 다양한 실시형태에서, (a) 바이러스 생산 세포를 적어도 하나의 AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 하나 이상의 바이러스 발현 작제물 및 이식유전자, 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 및 조절 핵산으로부터 선택될 수 있는 페이로드 분자를 암호화하는 하나 이상의 페이로드 작제물과 접촉시키는 단계; (b) 적어도 하나의 AAV 입자 또는 벡터가 생산되도록 하는 조건하에서 바이러스 생산 세포를 배양하는 단계, 및 (c) 생산 스트림으로부터 AAV 입자 또는 벡터를 단리하는 단계에 의해 AAV 입자 또는 벡터를 생산하는 방법이 본 명세서에 제공된다.

[0831] 이러한 방법에서, 바이러스 발현 작제물은 적어도 하나의 구조 단백질 및/또는 적어도 하나의 비구조 단백질을 암호화할 수 있다. 구조 단백질은 임의의 천연 또는 야생형 캡시드 단백질 VP1, VP2 및/또는 VP3 또는 이들의 키메라 단백질을 포함할 수 있다. 비구조 단백질은 임의의 천연 또는 야생형 Rep78, Rep68, Rep52 및/또는 Rep40 단백질 또는 이들의 키메라 단백질을 포함할 수 있다.

[0832] 소정의 실시형태에서, 접촉은 일시적 형질감염, 바이러스 형질도입 및/또는 전기천공을 통해 일어난다.

[0833] 소정의 실시형태에서, 바이러스 생산 세포는 포유동물 세포 및 곤충 세포로부터 선택된다. 소정의

실시형태에서, 곤충 세포는 스포돕테라 프루기페르다(*Spodoptera frugiperda*) 곤충 세포를 포함한다. 소정의 실시형태에서, 곤충 세포는 Sf9 곤충 세포를 포함한다. 소정의 실시형태에서, 곤충 세포는 Sf21 곤충 세포를 포함한다.

[0834] 본 개시내용의 페이로드 작제물 벡터는 다양한 실시형태에서 적어도 하나의 역 말단 반복(ITR)를 포함할 수 있고, 포유동물 DNA를 포함할 수 있다.

[0835] 또한, 본 명세서에 기재된 방법에 따라 생산된 AAV 입자 및 바이러스 벡터가 제공된다.

[0836] 다양한 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 하나 이상의 허용 가능한 부형제와 함께 약제학적 조성물로 제형화될 수 있다.

[0837] 소정의 실시형태에서, AAV 입자 또는 바이러스 벡터는 본 명세서에 기재된 방법에 의해 생산될 수 있다.

[0838] 소정의 실시형태에서, AAV 입자는 바이러스 생산 세포(예를 들어, 곤충 세포 또는 포유동물 세포)를 적어도 하나의 캡시드 단백질을 암호화하는 적어도 하나의 바이러스 발현 작제물 및 적어도 하나의 페이로드 작제물 벡터와 접촉시킴으로써 생산될 수 있다. 바이러스 생산 세포는 일시적 형질감염, 바이러스 형질도입 및/또는 전기천공에 의해 접촉될 수 있다. 페이로드 작제물 벡터는 이식유전자, 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 및 조절 핵산과 같지만 이에 제한되지 않는 페이로드 분자를 암호화하는 페이로드 작제물을 포함할 수 있다. 바이러스 생산 세포는 적어도 하나의 AAV 입자 또는 벡터가 생산되도록 하는 조건하에서 배양되고, 단리(예를 들어, 온도-유도성 용해, 기계적 용해 및/또는 화학적 용해를 사용)되고/되거나 정제(예를 들어, 여과, 크로마토그래피 및/또는 면역친화성 정제 사용)될 수 있다. 비제한적인 예로서, 페이로드 작제물 벡터는 포유동물 DNA를 포함할 수 있다.

[0839] 소정의 실시형태에서, AAV 입자는 본 명세서에 기재된 방법을 사용하여 곤충 세포(예를 들어, 스포돕테라 프루기페르다(Sf9) 세포)에서 생산된다. 비제한적인 예로서, 곤충 세포는 바큘로바이러스 형질도입을 포함할 수 있는 바이러스 형질도입을 사용하여 접촉된다.

[0840] 소정의 실시형태에서, AAV 입자는 본 명세서에 기재된 방법을 사용하여 포유동물 세포(예를 들어, HEK293 세포)에서 생산된다. 비제한적인 예로서, 포유동물 세포는 다중플라스미드 일시적 형질감염(예컨대, 삼중 플라스미드 일시적 형질감염)을 포함할 수 있는 바이러스 형질도입을 사용하여 접촉된다.

[0841] 소정의 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자 생산 방법은 바이러스 생산 세포에서 10^1개 초과, 10^2개 초과, 10^3개 초과, 10^4개 초과 또는 10^5개 초과의 AAV 입자를 생산한다.

[0842] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 방법은 적어도 하나의 바이러스 발현 작제물 및 적어도 하나의 페이로드 작제물을 포함하는 바이러스 생산 시스템을 사용하여 바이러스 생산 세포에서의 바이러스 입자의 생산을 포함한다. 적어도 하나의 바이러스 발현 작제물 및 적어도 하나의 페이로드 작제물은 바이러스 생산 세포에 공동 형질감염(예를 들어, 이중 형질감염, 삼중 형질감염)될 수 있다. 형질감염은 공지되고 당업자에 의해 일상적으로 수행되는 표준 분자 생물학 기법을 사용하여 완료된다. 바이러스 생산 세포는 페이로드 작제물을 복제하는 Rep 단백질 및 복제된 페이로드 작제물을 밀봉하는 캡시드를 형성하기 위해 조립되는 Cap 단백질을 포함하는 AAV 입자를 생산하는 데 필요한 단백질 및 기타 생체물질의 발현에 필요한 세포 기구를 제공한다. 생성된 AAV 입자는 바이러스 생산 세포로부터 추출되고, 투여를 위한 약제학적 제제로 가공된다.

[0843] 다양한 실시형태에서, 일단 투여되면, 본 명세서에 개시된 AAV 입자는 이론에 얽매이지 않고 표적 세포와 접촉하여, 예를 들어, 엔도솜에서 세포로 들어갈 수 있다. AAV 입자, 예를 들어, 엔도솜으로부터 방출된 입자는 그 후에 페이로드 작제물을 전달하기 위해 표적 세포의 핵과 접촉할 수 있다. 페이로드 작제물, 예를 들어, 재조합 바이러스 작제물은 페이로드 작제물에 의해 암호화된 페이로드 분자가 발현될 수 있는 표적 세포의 핵으로 전달될 수 있다.

[0844] 소정의 실시형태에서, 바이러스 입자의 생산 과정은 하나 이상의 바큘로바이러스(예를 들어, 바이러스 발현 작제물 및 페이로드 작제물 벡터로 형질감염된 바큘로바이러스 발현 벡터(BEV) 또는 바큘로바이러스 감염된 곤충 세포(BIIC))를 포함하는 바이러스 생산 세포의 시드 배양물을 이용한다. 소정의 실시형태에서, 시드 배양물은 수확되고, 분취량으로 나눠지고, 동결되고, 나중에 미경험 생산 세포 집단의 감염을 개시하기 위해 사용될 수 있다.

[0845] 일부 실시형태에서, AAV 입자의 대규모의 생산은 생물반응기를 이용한다. 이론에 얽매이지 않고, 생물반응기의

사용은 질량, 온도, 혼합 조건(임펠러 RPM 또는 파동 진동), CO_2 농도, O_2 농도, 가스 살포 속도 및 부피, 가스 오버레이 속도 및 부피, pH, 생존 세포 밀도(Viable Cell Density: VCD), 세포 생존 능력, 세포 직경 및/또는 광학 밀도(optical density: OD)와 같은 바이러스 생산 세포의 성장 및 활성을 지원하는 변수의 정확한 측정 및/또는 제어를 가능하게 할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 생물반응기는 실험적으로 결정된 시점에서 전체 배양물이 수확되고 AAV 입자가 정제되는 배취 생산에 사용된다. 일부 실시형태에서, 생물반응기는 AAV 입자의 정제를 위해 실험적으로 결정된 시점에서 배양물의 일부가 수확되고 생물반응기의 나머지 배양물을 추가적인 성장 배지 성분으로 재생시키는 연속 생산에 사용된다.

[0846] 다양한 실시형태에서, AAV 바이러스 입자는 세포 용해, 정화(clarification), 멸균 및 정제를 포함하는 과정에서 바이러스 생산 세포로부터 추출될 수 있다. 세포 용해는 바이러스 생산 세포의 구조를 파괴하여 AAV 입자를 방출하게 하는 임의의 과정을 포함한다. 소정의 실시형태에서, 세포 용해는 열 충격, 화학적 또는 기계적 용해 방법을 포함할 수 있다. 정화는 용해된 세포, 배지 성분 및 AAV 입자의 혼합물의 전체적인 정제를 포함할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 정화는 심층 여과, 접선 유동 여과 및/또는 중공 섬유 여과를 포함하지만 이에 제한되지 않는 원심분리 및/또는 여과를 포함한다.

[0847] 다양한 실시형태에서, 바이러스 생산의 최종 결과물은 다음 두 성분: (1) 페이로드 작제물(예를 들어, 재조합 AAV 벡터 게놈 작제물) 및 (2) 바이러스 캡시드를 포함하는 AAV 입자의 정제된 집합체이다.

[0848] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 생산 시스템 또는 방법은 바이러스 생산 세포(VPC) 및 플라스미드 작제물을 사용하여 바큘로바이러스 감염된 곤충 세포(BIIC)를 생산하는 단계를 포함한다. 세포 은행(Cell Bank: CB)으로부터의 바이러스 생산 세포(VPC)는 목표 작업 부피 및 VPC 농도를 제공하기 위해 해동되고 확장된다. 생성된 VPC의 풀은 Rep/Cap VPC 풀과 페이로드 VPC 풀로 분할된다. 하나 이상의 Rep/Cap 플라스미드 작제물(바이러스 발현 작제물)이 Rep/Cap 박미드(Bacmid) 폴리뉴클레오타이드로 처리되고 Rep/Cap VPC 풀에 형질감염된다. 하나 이상의 페이로드 플라스미드 작제물(페이로드 작제물)이 페이로드 박미드 폴리뉴클레오타이드로 처리되고, 페이로드 VPC 풀에 형질감염된다. 2개의 VPC 풀은 인큐베이션되어 P1 Rep/Cap 바큘로바이러스 발현 벡터(BEV) 및 P1 페이로드 BEV를 생산한다. 2개의 BEV 풀은 단일 플라크가 클론 플라크(Clonal Plaque: CP) 정제(단일 플라크 확장으로도 지칭됨)를 위해 선택되는 플라크의 집합체로 확장된다. 방법은 단일 CP 정제 단계를 포함할 수 있거나 또는 연속적으로 또는 다른 처리 단계에 의해 분리되는 다중 CP 정제 단계를 포함할 수 있다. 하나 이상의 CP 정제 단계는 CP Rep/Cap BEV 풀 및 CP 페이로드 BEV 풀을 제공한다. 그런 다음, 이들 2개의 BEV 풀은 보관되고 향후 생산 단계를 위해 사용될 수 있거나, 또는 이후에 VPC에 형질감염시켜 Rep/Cap BIIC 풀 및 페이로드 BIIC 풀을 생산할 수 있다.

[0849] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 생산 시스템 또는 방법은 바이러스 생산 세포(VPC) 및 바큘로바이러스 감염된 곤충 세포(BIIC)를 사용하여 AAV 입자를 생산하는 단계를 포함한다. 세포 은행(CB)으로부터의 바이러스 생산 세포(VPC)는 목표 작업 부피 및 VPC 농도를 제공하기 위해 해동되고, 확장된다. 바이러스 생산 세포의 작업 부피가 생산 생물반응기에 시딩되고, BIIC 감염을 위한 목표 VPC 농도로 200ℓ 내지 2000ℓ의 작업 부피로 추가로 확장될 수 있다. 그런 다음, 생산 생물반응기의 VPC의 작업 부피는 목표 VPC:BIIC 비 및 목표 BIIC:BIIC 비로 Rep/Cap BIIC 및 페이로드 BIIC로 공동 감염된다. VCD 감염은 또한 BEV를 이용할 수 있다. 공동 감염된 VPC는 AAV 입자 및 VPC의 대량 수확물을 생산하기 위해 생산 생물반응기에서 인큐베이션되고 확장된다.

[0850] *바이러스 발현 작제물*

[0851] 다양한 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 생산 시스템은 바이러스 생산 세포에 형질감염/형질도입될 수 있는 하나 이상의 바이러스 발현 작제물을 포함한다. 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 발현 작제물 또는 페이로드 작제물은 바큘로바이러스 플라스미드 또는 재조합 바큘로바이러스 게놈으로도 알려져 있는 박미드일 수 있다. 소정의 실시형태에서, 바이러스 발현은 바이러스 생산 세포에서의 발현을 위해 단백질-코딩 뉴클레오타이드 서열 및 적어도 하나의 발현 제어 서열을 포함한다. 소정의 실시형태에서, 바이러스 발현은 바이러스 생산 세포에서의 발현을 위해 적어도 하나의 발현 제어 서열에 작동 가능하게 연결된 단백질-코딩 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 소정의 실시형태에서, 바이러스 발현 작제물은 하나 이상의 프로모터의 제어하에 파보바이러스 유전자를 포함한다. 파보바이러스 유전자는 Rep52, Rep40, Rep68 또는 Rep78 단백질을 암호화하는 Rep 유전자와 같은 비구조 AAV 복제 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함할 수 있다. 파보바이러스 유전자는 VP1, VP2 및 VP3 단백질을 암호화하는 Cap 유전자와 같은 구조 AAV 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함할 수 있다.

[0852] 본 개시내용의 바이러스 발현 작제물은 핵산을 사용한 세포의 형질전환, 형질감염 또는 형질도입을 용이하게 하기 위한 생물학적이거나 또는 화학적인 임의의 화합물 또는 제형을 포함할 수 있다. 예시적인 생물학적 바이러스 발현 작제물은 플라스미드, 선형 핵산 분자 및 바큘로바이러스를 비롯한 재조합 바이러스를 포함한다. 예시적인 화학적 벡터는 지질 복합체를 포함한다. 바이러스 발현 작제물은 본 개시내용에 따라 핵산 서열을 바이러스 복제 세포에 혼입시키는 데 사용된다(O'Reilly, David R., Lois K. Miller, and Verne A. Luckow. Baculovirus expression vectors: a laboratory manual. Oxford University Press, 1994.); Maniatis *et al.*, eds. Molecular Cloning. CSH Laboratory, NY, N.Y. (1982); 및 Philiport and Scluber, eds. Liposomes as tools in Basic Research and Industry. CRC Press, Ann Arbor, Mich. (1995), 바이러스 발현 작제물 및 이의 용도와 관련하여 각각의 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있음).

[0853] 소정의 실시형태에서, 바이러스 발현 작제물은 비구조 AAV 복제 단백질, 구조 AAV 캡시드 단백질 또는 이들의 조합을 암호화하는 하나 이상의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 AAV 발현 작제물이다.

[0854] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 발현 작제물은 플라스미드 벡터일 수 있다. 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 발현 작제물은 바큘로바이러스 작제물일 수 있다.

[0855] 본 개시내용은 AAV 입자 또는 바이러스 벡터를 생산하기 위해 사용되는 바이러스 발현 작제물의 수에 제한되지 않는다. 소정의 실시형태에서, 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 이상의 바이러스 발현 작제물이 본 개시내용에 따라 바이러스 생산 세포에서 AAV 입자를 생산하기 위해 사용될 수 있다. 본 개시내용의 소정의 실시형태에서, 바이러스 발현 작제물은 곤충 세포에서 AAV 입자를 생산하기 위해 사용될 수 있다. 소정의 실시형태에서, 예를 들어, 증가된 감염성 또는 특이성과 같은 바이러스 입자의 속성을 개선하거나 또는 생산 수율을 향상시키기 위해 캡시드 및/또는 rep 유전자의 야생형 AAV 서열에 변형이 이루어질 수 있다.

[0856] 소정의 실시형태에서, 바이러스 발현 작제물은 하나 이상의 개시 코돈 영역을 포함하는 AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 서열과 같은 개시 코돈 영역을 포함하는 뉴클레오타이드 서열을 포함할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 개시 코돈 영역은 발현 제어 서열 내에 있을 수 있다. 개시 코돈은 ATG 또는 비-ATG 코돈(즉, AAV VP1 캡시드 단백질의 개시 코돈이 비-ATG인 준최적의 개시코돈)일 수 있다.

[0857] 소정의 실시형태에서, AAV 생산을 위해 사용되는 바이러스 발현 작제물은 AAV VP1 캡시드 단백질의 개시 코돈이 비-ATG, 즉, 준최적의 개시 코돈인 AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하여, 생산 시스템에서 바이러스 캡시드 단백질의 변형된 비의 발현을 허용하여 숙주 세포의 감염성을 개선시킬 수 있다. 비제한적인 예에서, 바이러스 작제물 벡터는 AAV VP1, VP2 및 VP3 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 핵산 작제물을 포함할 수 있되, AAV VP1 캡시드 단백질의 번역을 위한 개시 코돈은 AAV 캡시드 단백질 및 이의 생산과 관련하여 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 8,163,543호에 기술되어 있는 바와 같이 CTG, TTG 또는 GTG이다.

[0858] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 발현 작제물은 곤충 세포에서의 발현을 위해 파보바이러스 rep 단백질을 암호화하는 플라스미드 벡터 또는 바큘로바이러스 작제물일 수 있다. 소정의 실시형태에서, 단일 코딩 서열이 Rep78 및 Rep52 단백질에 사용되되, Rep78 단백질의 번역을 위한 개시 코돈은, 예를 들어, 높은 벡터 수율을 촉진할 수 있는 Rep52와 비교하여 Rep78의 덜 풍부한 발현을 촉진하는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제8,512,981호에 기술되어 있는 바와 같이 곤충 세포에서 발현 시 부분적 엑손 스키핑에 영향을 미치는 ACG, TTG, CTG 및 GTG로 이루어진 군으로부터 선택되는 준최적의 개시 코돈이다.

[0859] 소정의 실시형태에서, VP-코딩 영역은 특정 AAV 혈청형의 하나 이상의 AAV 캡시드 단백질을 암호화한다. VP-코딩 영역에 대한 AAV 혈청형은 동일하거나 또는 상이할 수 있다. 소정의 실시형태에서, VP-코딩 영역은 코돈 최적화될 수 있다. 소정의 실시형태에서, VP-코딩 영역 또는 뉴클레오타이드 서열은 포유동물 세포에 대해 코돈 최적화될 수 있다. 소정의 실시형태에서, VP-코딩 영역 또는 뉴클레오타이드 서열은 곤충 세포에 대해 코돈 최적화될 수 있다. 소정의 실시형태에서, VP-코딩 영역 또는 뉴클레오타이드 서열은 스포돕테라 프루기페르다 세포에 대해 코돈 최적화될 수 있다. 소정의 실시형태에서, VP-코딩 영역 또는 뉴클레오타이드 서열은 Sf9 또는 Sf21 세포주에 대해 코돈 최적화될 수 있다.

[0860] 소정의 실시형태에서, 하나 이상의 VP 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열은 참조 뉴클레오타이드 서열과 100% 미만의 뉴클레오타이드 상동성을 갖도록 코돈 최적화될 수 있다. 소정의 실시형태에서, 코돈-최적화된 VP 뉴클레오타이드 서열과 참조 VP 뉴클레오타이드 서열 사이의 뉴클레오타이드 상동성은 100% 미만, 99% 미만, 98% 미만, 97% 미만, 96% 미만, 95% 미만, 94% 미만, 93% 미만, 92% 미만, 91% 미만, 90% 미만, 89% 미

만, 88% 미만, 87% 미만, 86% 미만, 85% 미만, 84% 미만, 83% 미만, 82% 미만, 81% 미만, 80% 미만, 78% 미만, 76% 미만, 74% 미만, 72% 미만, 70% 미만, 68% 미만, 66% 미만, 64% 미만, 62% 미만, 60% 미만, 55% 미만, 50% 미만 및 40% 미만이다.

[0861] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 발현 작제물 또는 페이로드 작제물은 바큘로바이러스 플라스미드 또는 재조합 바큘로바이러스 게놈으로도 알려져 있는 박미드일 수 있다. 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 발현 작제물 또는 페이로드 작제물(예를 들어, 박미드)은 공지되고 당업자에 의해 수행되는 표준 분자 생물학 기법에 의해 상동성 재조합(트랜스포존 공여체/수용체 시스템)에 의해 박미드로 혼입된 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있다.

[0862] 소정의 실시형태에서, 박미드에 혼입된 폴리뉴클레오타이드(즉, 폴리뉴클레오타이드 삽입체)는 단백질-코딩 뉴클레오타이드 서열에 작동 가능하게 연결된 발현 제어 서열을 포함할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 박미드에 혼입된 폴리뉴클레오타이드는 p10 또는 polh와 같은 프로모터를 포함하고 구조 AAV 캡시드 단백질(예를 들어, VP1, VP2, VP3 또는 이들의 조합)을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 작동 가능하게 연결되는 발현 제어 서열을 포함할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 박미드에 혼입된 폴리뉴클레오타이드는 p10 또는 polh와 같은 프로모터를 포함하고 비구조 AAV 캡시드 단백질(예를 들어, Rep78, Rep52 또는 이들의 조합)을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열에 작동 가능하게 연결되는 발현 제어 서열을 포함할 수 있다.

[0863] 본 개시내용의 방법은 특정 발현 제어 서열의 사용에 의해 제한되지 않는다. 그러나, VP 생성물의 소정의 화학양론이 달성되는 경우(VP1, VP2 및 VP3 각각에 대해 1:1:10에 가까움) 또는 또한 Rep52 또는 Rep40(p19 Rep로도 지칭됨)의 수준이 Rep78 또는 Rep68(p5 Rep로도 지칭됨)보다 상당히 높은 경우, 생산 세포(예컨대, 곤충 세포)에서 AAV의 개선된 수율이 얻어질 수 있다. 소정의 실시형태에서, p5/p19 비는 0.6 미만, 0.4 미만 또는 0.3 미만이지만, 항상 적어도 0.03이다. 이러한 비는 단백질의 수준에서 측정될 수 있거나 또는 특정 mRNA의 상대적 수준과 관련될 수 있다.

[0864] 소정의 실시형태에서, AAV 입자는 바이러스 생산 세포(예컨대, 포유동물 또는 곤충 세포)에서 생산되되, 3개의 VP 단백질 모두는 화학양론 근접근한 수준에서 발현되며, 대략 다음과 같다: 1:1:10(VP1:VP2:VP3); 2:2:10(VP1:VP2:VP3); 2:0:10(VP1:VP2:VP3); 1-2:0-2:10(VP1:VP2:VP3); 1-2:1-2:10(VP1:VP2:VP3); 2-3:0-3:10(VP1:VP2:VP3); 2-3:2-3:10(VP1:VP2:VP3); 3:3:10(VP1:VP2:VP3); 3-5:0-5:10(VP1:VP2:VP3); 또는 3-5:3-5:10(VP1:VP2:VP3).

[0865] 소정의 실시형태에서, 발현 제어 영역은 다음으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VP1:VP2:VP3 비를 생성하도록 조작된다: 약 또는 정확히 1:0:10; 약 또는 정확히 1:1:10; 약 또는 정확히 2:1:10; 약 또는 정확히 2:1:10; 약 또는 정확히 2:2:10; 약 또는 정확히 3:0:10; 약 또는 정확히 3:1:10; 약 또는 정확히 3:2:10; 약 또는 정확히 3:3:10; 약 또는 정확히 4:0:10; 약 또는 정확히 4:1:10; 약 또는 정확히 4:2:10; 약 또는 정확히 4:3:10; 약 또는 정확히 4:4:10; 약 또는 정확히 5:5:10; 약 또는 정확히 1-2:0-2:10; 약 또는 정확히 1-2:1-2:10; 약 또는 정확히 1-3:0-3:10; 약 또는 정확히 1-3:1-3:10; 약 또는 정확히 1-4:0-4:10; 약 또는 정확히 1-4:1-4:10; 약 또는 정확히 1 내지 5:1 내지 5:10; 약 또는 정확히 2-3:0-3:10; 약 또는 정확히 2-3:2-3:10; 약 또는 정확히 2-4:2-4:10; 약 또는 정확히 2-5:2-5:10; 약 또는 정확히 3-4:3-4:10; 약 또는 정확히 3-5:3-5:10; 및 약 또는 정확히 4-5:4-5:10.

[0866] 본 개시내용의 소정의 실시형태에서, Rep52 또는 Rep78은 바큘로바이러스 유래된 다면체 프로모터(polh)로부터 전사된다. Rep52 또는 Rep78은 또한 더 약한 프로모터, 예를 들어, ie-1 프로모터의 결실 돌연변이체로부터 전사될 수 있으며, Δie-1 프로모터는 ie-1 프로모터 전사 활성의 약 20%를 갖는다. Δie-1 프로모터와 실질적으로 상동성인 프로모터가 사용될 수 있다. 프로모터와 관련하여, 적어도 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 이상의 상동성이 실질적으로 상동성인 프로모터로 간주된다.

[0867] *포유동물 세포*

[0868] 본 명세서에 개시된 본 개시내용의 바이러스 생산은 표적 세포와 접촉하여 페이로드 작제물, 예를 들어, 페이로드 분자를 암호화하는 뉴클레오타이드를 포함하는 재조합 AAV 입자 또는 바이러스 작제물을 전달하는 AAV 입자 또는 바이러스 벡터를 생산하기 위한 과정 및 방법을 설명한다. 바이러스 생산 세포는 원핵생물(예를 들어, 세균) 세포 및 곤충 세포, 효모 세포 및 포유동물 세포를 포함하는 진핵생물 세포를 포함하는 임의의 생물학적 유기체로부터 선택될 수 있다.

[0869] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 포유동물 세포를 포함하는 바이러스 생산 세포에서 생산될 수

있다. 바이러스 생산 세포는 포유동물 세포, 예컨대, A549, WEH1, 3T3, 10T1/2, BHK, MDCK, COS 1, COS 7, BSC 1, BSC 40, BMT 10, VERO, W138, HeLa, HEK293, HEK293T(293T), Saos, C2C12, L 세포, HT1080, Huh7, HepG2, C127, 3T3, CHO, HeLa 세포, KB 세포, BHK 및 포유동물로부터 유래되는 일차 섬유아세포, 간세포 및 근아세포를 포함할 수 있다. 바이러스 생산 세포는 인간, 원숭이, 마우스, 래트, 토끼 및 햄스터를 포함하지만 이에 제한되지 않는 임의의 포유동물 종으로부터 유래되는 세포, 또는 섬유아세포, 간세포, 종양 세포, 세포주 형질전환된 세포 등을 포함하지만 이에 제한되지 않는 세포 유형을 포함할 수 있다.

[0870] 재조합 AAV 입자의 생산에 일반적으로 사용되는 AAV 바이러스 생산 세포는 각각의 전체 내용이 본 개시내용과 상충되지 않는 한 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제6,156,303호, 제5,387,484호, 제5,741,683호, 제5,691,176호, 제6,428,988호 및 제5,688,676호; 미국 출원 2002/0081721 및 국제 공개 제WO 00/47757호, 제WO 00/24916호 및 제WO 96/17947호에 기술되어 있는 바와 같은 다른 포유동물 세포주를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 소정의 실시형태에서, AAV 바이러스 생산 세포는 복제-결함 헬퍼 바이러스, 예를 들어, HEK293 세포 또는 다른 Ea 트랜스-보완 세포로부터 결실된 기능을 제공하는 트랜스-보완(trans-complementing) 패키징 세포주이다.

[0871] 소정의 실시형태에서, 패키징 세포주 293 내지 10-3(ATCC 등록 번호 PTA-2361)이 293 내지 10-3 패키징 세포주 및 이의 용도와 관련하여 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 6,281,010호에 기술되어 있는 바와 같이 AAV 입자를 생산하는 데 사용될 수 있다.

[0872] 본 개시내용의 소정의 실시형태에서, 포스포글리세레이트 카이네이스(PGK) 프로모터의 제어하에 아데노바이러스 E1a 및 아데노바이러스 E1b를 암호화하는 E1 결실 아데노바이러스 벡터를 트랜스-보완하기 위한 HeLA 세포주와 같은 세포주가 HeLa 세포주 및 이의 용도와 관련하여 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제6365394호에 기술되어 있는 바와 같이 AAV 입자 생산에 사용될 수 있다.

[0873] 소정의 실시형태에서, AAV 입자는 다중플라스미드 일시적 형질감염 방법(예컨대, 삼중 플라스미드 일시적 형질감염)을 사용하여 포유동물 세포에서 생산된다. 소정의 실시형태에서, 다중플라스미드 일시적 형질감염 방법은 다음 3개의 상이한 작제물의 형질감염을 포함한다: (i) 페이로드 작제물, (ii) Rep/Cap 작제물(파보바이러스 Rep 및 파보바이러스 Cap) 및 (iii) 헬퍼 작제물. 소정의 실시형태에서, AAV 입자 생산의 세 가지 구성요소의 삼중 형질감염 방법은 형질도입 효율, 표적 조직(친화성) 평가 및 안정성을 포함하는 검정을 위한 소량의 바이러스를 생산하는 데 이용될 수 있다. 소정의 실시형태에서, AAV 입자 생산의 세 가지 구성 요소의 삼중 형질감염 방법은 임상적 또는 상업적 적용을 위한 대량의 물질을 생산하는 데 이용될 수 있다.

[0874] 제형화될 AAV 입자는 삼중 형질감염 또는 바큘로바이러스 매개성 바이러스 생산 또는 당업계에 공지된 임의의 다른 방법에 의해 생산될 수 있다. 당업계에 공지된 임의의 적합한 허용 또는 패키징 세포가 벡터를 생산하는 데 사용될 수 있다. 소정의 실시형태에서, 복제-결함 헬퍼 바이러스, 예를 들어, 293 세포 또는 다른 E1a 트랜스-보완 세포로부터 결실된 기능을 제공하는 트랜스-보완 패키징 세포주가 사용된다.

[0875] 유전자 카세트는 일부 또는 모든 파보바이러스(예를 들어, AAV) cap 및 rep 유전자를 포함할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 캡시드 및/또는 Rep 단백질을 암호화하는 패키징 벡터(들)를 세포에 도입함으로써 일부 또는 모든 cap 및 rep 기능이 트랜스로(in trans) 제공된다. 소정의 실시형태에서, 유전자 카세트는 캡시드 또는 Rep 단백질을 암호화하지 않는다. 대안적으로, cap 및/또는 rep 유전자를 발현하도록 안정적으로 형질전환된 패키징 세포주가 사용된다.

[0876] 재조합 AAV 바이러스 입자는 소정의 실시형태에서 재조합 AAV 바이러스 입자의 생산 및 처리와 관련하여 전체 내용이 참조에 의해 원용되어 있는 US2016/0032254에 기술되어 있는 바와 같은 절차에 따라 배양 상청액으로부터 생산되고 정제된다. 생산은 또한 293T 세포, 삼중 형질감염 또는 임의의 적합한 생산 방법을 사용하는 것을 포함하는 당업계에 공지된 방법을 포함할 수 있다.

[0877] 소정의 실시형태에서, 포유동물 바이러스 생산 세포(예를 들어, 293T 세포)는 접착/부착 상태(예를 들어, 칼슘 포스페이트 사용) 또는 현탁액 상태(예를 들어, 폴리에틸렌이민(PEI) 사용)일 수 있다. 포유동물 바이러스 생산 세포는 AAV의 생산에 필요한 플라스미드(즉, AAV rep/cap 작제물, 아데노바이러스 헬퍼 작제물 및/또는 ITR 측면 페이로드 작제물)로 형질감염된다. 소정의 실시형태에서, 형질감염 과정은 선택적 배지 변경(예를 들어, 접착 형태의 세포에 대한 배지 변경, 현탁액 형태의 세포를 위한 배지 변경 없음, 원하는 경우 현탁액 형태의 세포에 대한 배지 변경)을 포함할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 형질감염 과정은 DMEM 또는 F17과 같은 형질감염 배지를 포함할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 형질감염 배지는 혈청을 포함할 수 있거나 또는 무혈청(예를

들어, 혈청과 칼슘 포스페이트를 사용한 접착 상태의 세포, 혈청 없이 PEI를 사용한 현탁액 상태의 세포)일 수 있다.

[0878] 그 후에 세포는 스크래핑(부착 형태) 및/또는 펠릿화(현탁액 형태 및 스크래핑된 부착 형태)에 의해 수집되고, 용기로 옮겨질 수 있다. 수집 단계는 생산된 세포의 전체 수집을 위해 필요에 따라 반복될 수 있다. 다음으로, 세포 용해는 연속 동결-해동 주기(-80C 내지 37C), 화학적 용해(예컨대, 세제 트라이톤 첨가), 기계적 용해에 의해 또는 세포 배양물이 약 0% 생존 능력에 도달한 후 분해되도록 함으로써 달성될 수 있다. 세포 찌꺼기는 원심분리 및/또는 심층 여과에 의해 제거된다. 샘플은 DNA qPCR에 의한 DNase 저항성 게놈 적정에 의해 AAV 입자에 대해 정량화된다.

[0879] AAV 입자 역가는 게놈 카피수(밀리리터당 게놈 입자)에 따라 측정된다. 게놈 입자 농도는 이전에 보고된 바와 같은 벡터 DNA의 DNA qPCR을 기반으로 한다(Clark *et al.* (1999) Hum. Gene Ther., 10:1031-1039; Veldwijk *et al.* (2002) Mol. Ther., 6:272-278, 입자 농도의 측정과 관련하여 전체 내용이 각각 참조에 의해 원용됨).

[0880] *곤충 세포*

[0881] 본 개시내용의 바이러스 생산은 표적 세포와 접촉하여 페이로드 작제물, 예를 들어, 페이로드 분자를 암호화하는 뉴클레오타이드를 포함하는 재조합 바이러스 작제물을 전달하는 AAV 입자 또는 바이러스 벡터를 생산하기 위한 과정 및 방법을 포함한다. 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 바이러스 벡터는 곤충 세포를 포함하는 바이러스 생산 세포에서 생산될 수 있다.

[0882] 배양 중인 곤충 세포에 대한 성장 조건 및 배양 중인 곤충 세포에서 이종 생성물의 생산은 당업계에 잘 알려져 있으며, 바이러스 생산에서 곤충 세포의 성장 및 사용과 관련하여 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제6,204,059호를 참조한다.

[0883] 파보바이러스의 복제를 가능하게 하고 배양에서 유지될 수 있는 임의의 곤충 세포가 본 개시내용에 따라 사용될 수 있다. AAV 바이러스 생산 세포는 일반적으로 Sf9 또는 Sf21 세포주, 드로소필라(*Drosophila*) 세포주 또는 아에데스 알보픽투스(*Aedes albopictus*) 유래 세포주와 같은 모기 세포주를 포함하지만 이에 제한되지 않는 스포돕테라 프루기페르다를 포함하지만 이에 제한되지 않는 재조합 AAV 입자의 생산을 위해 사용된다. 이종 단백질의 발현을 위한 곤충 세포의 사용은 벡터, 예를 들어, 곤충-세포 적합성 벡터와 같은 핵산 이러한 세포에 도입하는 방법 및 이러한 세포를 배양에서 유지하는 방법과 같이 잘 문서화되어 있다. 예를 들어, 바이러스 생산에서 곤충 세포의 사용과 관련하여 각각의 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Methods in Molecular Biology, ed. Richard, Humana Press, NJ (1995); O'Reilly *et al.*, Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, Oxford Univ. Press (1994); Samulski *et al.*, J. Vir.63:3822-8 (1989); Kajigaya *et al.*, Proc. Nat'l. Acad. Sci. USA 88: 4646-50 (1991); Ruffing *et al.*, J. Vir. 66:6922-30 (1992); Kimbauer *et al.*,Vir.219:37-44 (1996); Zhao *et al.*, Vir.272:382-93 (2000); 및 Samulski *et al.*], 미국 특허 제6,204,059의 방법을 참조한다.

[0884] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 본 개시내용과 상충하지 않는 한 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 WO2015/191508에 기술되어 있는 방법을 사용하여 제조된다.

[0885] 소정의 실시형태에서, (예를 들어, 문헌[Luckow *et al.*, Bio/Technology 6: 47 (1988)]에 기술되어 있는 바와 같은) 바큘로바이러스 시스템과 조합된 곤충 숙주 세포 시스템이 사용될 수 있다. 소정의 실시형태에서, 키메라 펩타이드를 제조하기 위한 발현 시스템은 바이러스 입자의 생산과 관련하여 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제6660521호에 기술되어 있는 바와 같이 높은 수준의 단백질에 사용될 수 있는 트리코플루시아 니(*Trichoplusia ni*), Tn 5B1-4 곤충 세포/바큘로바이러스 시스템이다.

[0886] 곤충 세포의 확장, 배양, 형질감염, 감염 및 축적은 Hyclone™ SFX-Insect™ 세포 배양 배지, 익스프레션 시스템(Promega) ESF AF™ 곤충 세포 배양 배지, 써모피셔(ThermoFisher) Sf-900II™ 배지, 써모피셔 Sf-900III™ 배지 또는 써모피셔 그레이스 곤충 배지를 포함하는 당업계에 공지된 임의의 세포 배양 배지, 세포 형질감염 배지 또는 축적 배지에서 수행될 수 있다. 본 개시내용의 곤충 세포 혼합물은 또한 염, 산, 염기, 완충액, 계면활성제(예컨대, 폴록사머 188/플루로닉 F-68) 및 기타 공지된 배양 배지 요소를 포함하는(이에 제한되지 않음) 본 개시내용에 기재된 임의의 제형 첨가제 또는 요소를 포함할 수 있다. 제형 첨가제는 점진적으로 또는 "스파이크"(단시간에 많은 양의 혼입)로 혼입될 수 있다.

[0887] *바큘로바이러스-생산 시스템*

[0888] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 방법은 바이러스 발현 작제물 및 페이로드 작제물 벡터를 사용하는 바큘로바이러스 시스템에서의 AAV 입자 또는 바이러스 벡터의 생산을 포함할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 바큘로바이러스 시스템은 바큘로바이러스 발현 벡터(BEV) 및/또는 바큘로바이러스 감염된 곤충 세포(BIIC)를 포함한다. 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 발현 작제물 또는 페이로드 작제물은 바큘로바이러스 플라스미드 또는 재조합 바큘로바이러스 게놈으로도 알려져 있는 박미드일 수 있다. 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 바이러스 발현 작제물 또는 페이로드 작제물은 공지되고 당업자에 의해 수행되는 표준 분자 생물학 기법에 의해 상동성 재조합(트랜스포존 공여체/수용체 시스템)에 의해 박미드에 혼입되는 폴리뉴클레오타이드일 수 있다. 별도의 바이러스 복제 세포 집단의 형질감염은 바큘로바이러스(BEV)의 2개 이상의 그룹(예를 들어, 2개, 3개)을 생성하며, 그 중 하나 이상의 그룹은 바이러스 발현 작제물(발현 BEV)을 포함할 수 있고, 그 중 하나 이상의 그룹은 페이로드 작제물(페이로드 BEV)을 포함할 수 있다. 바큘로바이러스는 AAV 입자 또는 바이러스 벡터의 생산을 위한 바이러스 생산 세포를 감염시키는 데 사용될 수 있다.

[0889] 소정의 실시형태에서, 방법은 바이러스 발현 작제물 및 페이로드 작제물을 모두 포함하는 단일 바큘로바이러스(BEV) 그룹을 생산하기 위한 단일 바이러스 복제 세포 집단의 형질감염을 포함한다. 이들 바큘로바이러스는 AAV 입자 또는 바이러스 벡터의 생산을 위해 바이러스 생산 세포를 감염시키는 데 사용될 수 있다.

[0890] 소정의 실시형태에서, BEV는 프로메가(Promega) FuGENE® HD, WFI수 또는 써모피셔 Cellfectin® II 시약과 같은 박미드 형질감염제를 사용하여 생산된다. 소정의 실시형태에서, BEV는 곤충 세포와 같은 바이러스 생산 세포에서 생산되고 확장된다.

[0891] 소정의 실시형태에서, 방법은 바큘로바이러스 감염된 곤충 세포(BIIC)를 포함하여 하나 이상의 BEV를 포함하는 바이러스 생산 세포의 시드 배양물을 이용한다. 시드 BIIC는 바이러스 발현 작제물을 포함하는 발현 BEV 및 또한 페이로드 작제물을 포함하는 페이로드 BEV로 형질감염/형질도입/감염되었다. 소정의 실시형태에서, 시드 배양물은 수확되고, 분취량으로 나눠지고, 동결되며, 나중에 미경험 생산 세포 집단의 형질감염/형질도입/감염을 개시하기 위해 사용될 수 있다. 소정의 실시형태에서, 시드 BIIC의 은행은 -80℃ 또는 LN2 증기에 보관된다.

[0892] 바큘로바이러스는 복제 단백질, 외피 단백질 및 캡시드 단백질과 같은 바큘로바이러스의 기능 및 복제에 필수적인 몇 가지 필수 단백질로 구성된다. 따라서, 바큘로바이러스 게놈은 필수 단백질을 암호화하는 몇 가지 필수-유전자 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 비제한적인 예로서, 게놈은 바큘로바이러스 작제물에 대한 필수 단백질을 암호화하는 필수-유전자 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 필수-유전자 영역을 포함할 수 있다. 필수 단백질은 다음을 포함할 수 있다: GP64 바큘로바이러스 외피 단백질, VP39 바큘로바이러스 캡시드 단백질 또는 바큘로바이러스 작제물에 대한 기타 유사한 필수 단백질.

[0893] 스포돕테라 프루기페르다(Sf9) 세포를 포함하지만 이에 제한되지 않는 곤충 세포에서 AAV 입자를 생산하기 위한 바큘로바이러스 발현 벡터(BEV)는 바이러스 벡터 제품의 높은 역가를 제공한다. 바이러스 발현 작제물 및 페이로드 작제물을 암호화하는 재조합 바큘로바이러스는 바이러스 벡터 복제 세포의 생산적인 감염을 개시한다. 1차 감염으로부터 방출된 감염성 바큘로바이러스 입자는 배양에서 추가적인 세포를 2차 감염시켜 초기 감염 다중도의 기능인 다수의 감염 주기에서 전체 세포 배양 집단을 기하급수적으로 감염시키며, 이는 BEV 및 바이러스 입자의 생산 및 사용과 관련하여 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Urabe, M. *et al.* J Virol. 2006 Feb;80(4):1874-85]을 참조한다.

[0894] 곤충 세포 시스템에서 바큘로바이러스를 사용한 AAV 입자의 생산은 알려진 바큘로바이러스 유전적 및 물리적 불안정성을 해결할 수 있다.

[0895] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용의 생산 시스템은 무역가 감염-세포 보존 및 스케일-업 시스템을 이용함으로써 다중 계대에 걸쳐 바큘로바이러스 불안정성을 해결한다. 바이러스 생산 세포의 소규모 시드 배양물은 AAV 입자의 구조 및/또는 비구조 성분을 암호화하는 바이러스 발현 작제물로 형질감염된다. 바큘로바이러스-감염된 바이러스 생산 세포는 액체 질소에 동결 보존될 수 있는 분취물로 수확되며; 분취물은 대규모 바이러스 생산 세포 배양의 감염을 위한 생존 능력 및 감염성을 유지한다(Wasilko DJ *et al.* Protein Expr Purif. 2009 Jun;65(2):122-32, BEV 및 바이러스 입자의 생산 및 사용과 관련하여 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있음).

[0896] 유전적으로 안정적인 바큘로바이러스는 무척추동물 세포에서 AAV 입자를 생산하기 위한 성분 중 하나 이상의 공급원을 생산하는 데 사용될 수 있다. 소정의 실시형태에서, 결함 바큘로바이러스 발현 벡터는 곤충 세포에서 에피솜으로 유지될 수 있다. 이러한 실시형태에서, 상응하는 박미드 벡터는 프로모터, 인핸서 및/또는 세포-주기

조절된 복제 요소를 포함하지만 이에 제한되지 않는 복제 제어 요소로 조작된다.

[0897] 소정의 실시형태에서, 바큘로바이러스 감염을 가능하게 하는 안정적인 바이러스 생산 세포는 전체 AAV 게놈, Rep 및 Cap 유전자, Rep 유전자, Cap 유전자, 별도의 전사 카세트로서 각 Rep 단백질, 별도의 전사 카세트로서 각 VP 단백질, AAP(조립 활성화 단백질) 또는 천연 또는 비천연 프로모터를 갖는 적어도 하나의 바큘로바이러스 헬퍼 유전자를 포함하지만 이에 제한되지 않는 AAV 복제 및 벡터 생산에 필요한 임의의 요소의 적어도 하나의 안정적인 통합된 카피로 조작된다.

[0898] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 곤충 세포(예를 들어, Sf9 세포)에서 생산될 수 있다.

[0899] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 삼중 형질감염을 사용하여 생산될 수 있다.

[0900] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 포유동물 세포에서 생산될 수 있다.

[0901] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 포유동물 세포에서 삼중 형질감염에 의해 생산될 수 있다.

[0902] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 HEK293 세포에서 삼중 형질감염에 의해 생산될 수 있다.

[0903] 본 명세서에 기재된 GCase 단백질을 암호화하는 AAV 바이러스 게놈은 인간 질환, 수의학 응용 분야 및 다양한 생체내 및 시험관내 환경에서 유용할 수 있다. 본 개시내용의 AAV 입자는 신경학적 또는 신경근 질환 및/또는 장애의 치료, 예방, 완화 또는 개선을 위한 의학 분야에 유용할 수 있다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 GBA-관련 장애의 예방 및/또는 치료에 사용된다.

[0904] 본 명세서의 개시내용의 다양한 실시형태는 본 명세서에 기재된 AAV 입자 및 약제학적으로 허용 가능한 부형제를 포함하는 약제학적 조성물을 제공한다.

[0905] 본 명세서의 개시내용의 다양한 실시형태는 치료학적 유효량의 본 명세서에 기재된 약제학적 조성물을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는 이를 필요로 하는 대상체를 치료하는 방법을 제공한다.

[0906] 방법의 소정의 실시형태는 대상체가 다음으로 이루어진 군으로부터 선택되는 약제학적 조성물의 투여 경로에 의해 치료되는 것을 제공한다: 정맥내, 뇌실내, 뇌실질내, 척수강내, 연질막하 및 근육내 또는 이들의 조합. 방법의 소정의 실시형태는 대상체가 GBA-관련 장애 및/또는 GBA 유전자 산물의 양 또는 기능의 결핍으로부터 발생하는 다른 신경학적 장애에 대해 치료되는 것을 제공한다. 방법의 일 양태에서, GBA-관련 장애 또는 다른 신경학적 장애의 병리학적 특징이 완화되고/되거나 GBA-관련 장애 또는 다른 신경학적 장애의 진행이 중단, 둔화, 개선 또는 역전된다.

[0907] 본 명세서의 개시내용의 다양한 실시형태는 유효량의 본 명세서에 기재된 약제학적 조성물을 주입을 통해 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는, 이를 필요로 하는 상기 대상체의 중추신경계에서 GCase 단백질의 수준을 증가시키는 방법을 설명한다.

[0908] 또한, AAV 입자의 설계, 준비, 제조 및/또는 제형화를 위한 조성물, 방법, 과정, 키트 및 장치가 본 명세서에 기재된다. 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 포함하는 페이로드와 같지만 이에 제한되지 않는 페이로드는 페이로드 작제물에 의해 암호화되거나, 또는 플라스미드 또는 벡터 또는 재조합 아데노-관련 바이러스(AAV) 내에 포함될 수 있다.

[0909] 본 개시내용은 또한 GBA-관련 장애의 치료 또는 개선을 위한 벡터 및 바이러스 입자, 예를 들어, AAV 입자에 대한 투여 및/또는 전달 방법을 제공한다. 이러한 방법은 유전자 교체 또는 유전자 활성화를 포함할 수 있다. 이러한 결과는 본 명세서에 교시된 방법 및 조성물을 이용함으로써 달성된다.

[0910] **III. 약제학적 조성물**

[0911] 본 개시내용은 임의의 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 본 명세서에 기재된 AAV 게놈(즉, "벡터 게놈", "바이러스 게놈", 또는 "VG")을 대상체에게 투여하거나, 또는 상기 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈을 포함하는 입자를 대상체에게 투여하거나 또는 약제학적 조성물을 비롯한 임의의 기재된 조성물을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는, 인간 대상체를 포함하는 포유동물 대상체에서 GBA-관련 장애 및 GCase 단백질(들)의 기능 또는 발현의 결핍과 관련된 장애를 치료하는 방법을 추가적으로 제공한다.

[0912] 본 명세서에서 사용되는 용어 "조성물"은 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈 또는 AAV 입자 및 적어도 하나의 부형제를 포함한다.

[0913] 본 명세서에서 사용되는 용어 "약제학적 조성물"은 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈 또는 AAV 입자 및 하

나 이상의 약제학적으로 허용 가능한 부형제를 포함한다.

[0914] 약제학적 조성물, 예를 들어, 전달될 GCase 단백질을 암호화하는 페이로드를 포함하는 AAV에 대한 설명이 있지만, 주로 인간에게 투여하기에 적합한 약제학적 조성물에 관한 것이 본 명세서에 제공되며, 당업자라면 이러한 조성물이 임의의 다른 동물, 예를 들어, 비인간 동물, 예를 들어, 비인간 포유동물에게 투여하기에 일반적으로 적합하다는 것을 이해할 것이다. 다양한 동물에 투여하기에 적합한 조성물을 제공하기 위해 인간에 투여하기에 적합한 약제학적 조성물의 변형은 잘 이해되며, 일반적으로 숙련된 수의 약리학자는 이러한 변형을 단지 일반적인 실험(있는 경우)으로 설계 및/또는 수행할 수 있다. 약제학적 조성물의 투여가 상정되는 대상체는 인간 및/또는 다른 영장류; 소, 돼지, 말, 양, 고양이, 개, 마우스 및/또는 래트와 같은 상업적으로 관련된 포유동물을 포함하는 포유동물; 및/또는 가금류, 닭, 오리, 거위 및/또는 칠면조와 같은 상업적으로 관련된 새를 포함하는 새를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0915] 일부 실시형태에서, 조성물은 인간, 인간 환자 또는 대상체에게 투여된다.

[0916] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자 제형은 적어도 하나의 페이로드를 암호화하는 핵산을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 제형은 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 페이로드를 암호화하는 핵산을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 제형은 인간 단백질, 수의학 단백질, 세균 단백질, 생물학적 단백질, 항체, 면역원성 단백질, 치료적 펩타이드 및 단백질, 분비 단백질, 원형질막 단백질, 세포질 단백질, 세포골격 단백질, 세포내막 결합 단백질, 핵 단백질, 인간 질환 관련 단백질 및/또는 비인간 질환 관련 단백질과 같지만 이에 제한되지 않는 카테고리로부터 선택되는 단백질을 암호화하는 페이로드 작제물을 암호화하는 핵산을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 제형은 단백질을 암호화하는 적어도 3개의 페이로드 작제물을 포함한다. 소정의 실시형태는 페이로드 중 적어도 하나가 GCase 단백질 또는 이들의 변이체인 것을 제공한다.

[0917] 본 개시내용에 따른 약제학적 조성물은 단일 단위 용량 및/또는 복수의 단일 단위 용량으로서 대량으로 제조, 패키징 및/또는 판매될 수 있다. 본 명세서에서 사용되는 "단위 용량"은 미리 결정된 양의 활성 성분을 포함하는 약제학적 조성물의 별개의 양을 지칭한다. 활성 성분의 양은 일반적으로 대상체에게 투여될 활성 성분의 투여량 및/또는, 예를 들어, 이러한 투여량의 1/2 또는 1/3과 같은 이러한 투여량의 편리한 분할과 동일하다.

[0918] **IV. 제형**

[0919] 본 명세서에 기재된 AAV 약제학적 조성물의 제형은 약리학 분야에서 공지되거나 또는 이후에 개발될 임의의 방법에 의해 제조될 수 있다. 일반적으로, 이러한 제조 방법은 활성 성분을 부형제 및/또는 하나 이상의 다른 보조 성분과 회합시킨 다음, 필요하고/하거나 바람직한 경우 제품을 목적하는 단일-용량 또는 다중-용량 단위로 분할, 성형 및/또는 패키징하는 단계를 포함한다.

[0920] 본 개시내용에 따른 약제학적 조성물 내의 활성 성분, 약제학적으로 허용 가능한 부형제 및/또는 임의의 추가적인 성분의 상대적인 양은 치료되는 대상체의 정체, 크기 및/또는 상태에 따라 그리고 추가로 조성물이 투여되는 경로에 따라 달라질 것이다.

[0921] 예를 들어, 조성물은 0.1% 내지 99%(w/w)의 활성 성분을 포함할 수 있다. 예로서, 조성물은 0.1% 내지 100%, 예를 들어, .5% 내지 50%, 1% 내지 30%, 5% 내지 80% 또는 적어도 80%(w/w)의 활성 성분을 포함할 수 있다.

[0922] 본 개시내용의 AAV 입자는 (1) 안정성을 증가시키고; (2) 세포 형질감염 또는 형질도입을 증가시키고; (3) 지속 또는 지연 방출을 허용하고; (4) 생체분포를 변경하고(예를 들어, 바이러스 입자를 특정 조직 또는 세포 유형으로 표적화); (5) 생체내에서 암호화된 단백질의 번역을 증가시키고; (6) 생체내에서 암호화된 단백질의 방출 프로파일을 변경하고/하거나 (7) 페이로드의 조절 가능한 발현을 허용하기 위해 하나 이상의 부형제를 사용하여 제형화될 수 있다.

[0923] 본 개시내용의 제형은 제한 없이 식염수, 리피도이드, 리포솜, 지질 나노입자, 중합체, 리포플렉스, 코어-셸 나노입자, 펩타이드, 단백질, 바이러스 벡터로 형질감염된 세포(예를 들어, 대상체로의 이식을 위해), 나노입자 모방체 및 이들의 조합을 포함할 수 있다. 또한, 본 개시내용의 바이러스 벡터는 자가-조립된 핵산 나노입자를 사용하여 제형화될 수 있다.

[0924] 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 벡터는 비중(baricity) 및/또는 삼투질 농도(osmolality)를 최적화하기 위해 제형화될 수 있다. 일부 실시형태에서, 제형의 비중 및/또는 삼투질 농도는 중추신경계 또는 영역 또는 중추신경계의 구성요소에서 최적의 약물 분포를 보장하기 위해 최적화될 수 있다.

[0925] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 약 7.0의 pH에서 0.001%의 플루론산(F-68)을 포함하는 PBS로 제

형화될 수 있다.

[0926] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 에틸렌 옥사이드/프로필렌 옥사이드 공중합체(플루로닉 또는 폴록사머로도 알려져 있음)와 조합된 PBS로 제형화될 수 있다.

[0927] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 약 7.0의 pH에서 0.001% 플루론산(F-68)(폴록사머 188)을 포함하는 PBS로 제형화될 수 있다.

[0928] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 약 7.3의 pH에서 0.001% 플루론산(F-68)(폴록사머 188)을 포함하는 PBS로 제형화될 수 있다.

[0929] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 약 7.4의 pH에서 0.001% 플루론산(F-68)(폴록사머 188)을 포함하는 PBS로 제형화될 수 있다.

[0930] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 소듐 클로라이드, 소듐 포스페이트 및 에틸렌 옥사이드/프로필렌 옥사이드 공중합체를 포함하는 용액으로 제형화될 수 있다.

[0931] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 소듐 클로라이드, 이염기성 소듐 포스페이트, 포타슘 클로라이드, 일염기성 포타슘 포스페이트 및 폴록사머 188/플루론산(F-68)을 포함하는 용액으로 제형화될 수 있다.

[0932] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 pH 7.4에서 192mM 소듐 클로라이드, 10mM 소듐 포스페이트(이염기성), 2.7mM 포타슘 클로라이드, 2mM 포타슘 포스페이트(일염기성) 및 0.001% 플루로닉 F-68(v/v)을 포함하는 용액으로 제형화될 수 있다. 이 제형은 본 개시내용에서 제형 1로 지칭된다.

[0933] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 약 7.3의 pH에서 약 192mM 소듐 클로라이드, 약 10mM 이염기성 소듐 포스페이트 및 약 0.001% 폴록사머 188을 포함하는 용액으로 제형화될 수 있다. 최종 용액에서 소듐 클로라이드의 농도는 150mM 내지 200mM일 수 있다. 비제한적인 예로서, 최종 용액에서 소듐 클로라이드의 농도는 150mM, 160mM, 170mM, 180mM, 190mM 또는 200mM일 수 있다. 최종 용액에서 이염기성 소듐 포스페이트의 농도는 1mM 내지 50mM일 수 있다. 비제한적인 예로서, 최종 용액에서 이염기성 소듐 포스페이트의 농도는 1mM, 2mM, 3mM, 4mM, 5mM, 6mM, 7mM, 8mM, 9mM, 10mM, 15mM, 20mM, 25mM, 30mM, 40mM 또는 50mM일 수 있다. 폴록사머 188(플루론산(F-68))의 농도는 0.0001% 내지 1%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 폴록사머 188(플루론산(F-68))의 농도는 0.0001%, 0.0005%, 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5% 또는 1%일 수 있다. 최종 용액은 6.8 내지 7.7의 pH를 가질 수 있다. 최종 용액의 pH의 비제한적인 예는 6.8, 6.9, 7.0, 7.1, 7.2, 7.3, 7.4, 7.5, 7.6 또는 7.7의 pH를 포함한다.

[0934] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 약 7.4의 pH에서 약 1.05% 소듐 클로라이드, 약 0.212% 이염기성 소듐 포스페이트 7수화물, 약 0.025% 일염기성 소듐 포스페이트 1수화물 및 0.001% 폴록사머 188을 포함하는 용액으로 제형화될 수 있다. 비제한적인 예로서, 이 제형화된 용액에서 AAV 입자의 농도는 약 0.001%일 수 있다. 최종 용액에서 소듐 클로라이드의 농도는 0.1%, 0.25%, 0.5%, 0.75%, 0.95%, 0.96%, 0.97%, 0.98%, 0.99%, 1.00%, 1.01%, 1.02%, 1.03%, 1.04%, 1.05%, 1.06%, 1.07%, 1.08%, 1.09%, 1.10%, 1.25%, 1.5%, 1.75% 또는 2%의 비제한적인 예와 함께 0.1% 내지 2.0%일 수 있다. 최종 용액에서 이염기성 소듐 포스페이트의 농도는 0.100%, 0.125%, 0.150%, 0.175%, 0.200%, 0.210%, 0.211%, 0.212%, 0.213%, 0.214%, 0.215%, 0.225%, 0.250%, 0.275%, 0.300%를 포함하는 비제한적인 예와 함께 0.100% 내지 0.300%일 수 있다. 최종 용액에서 일염기성 소듐 포스페이트의 농도는 0.010%, 0.015%, 0.020%, 0.021%, 0.022%, 0.023%, 0.024%, 0.025%, 0.026%, 0.027%, 0.028%, 0.029%, 0.030%, 0.035%, 0.040%, 0.045% 또는 0.050%의 비제한적인 예와 함께 0.010% 내지 0.050%일 수 있다. 폴록사머 188(플루론산(F-68))의 농도는 0.0001% 내지 1%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 폴록사머 188(플루론산(F-68))의 농도는 0.0001%, 0.0005%, 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5% 또는 1%일 수 있다. 최종 용액은 6.8 내지 7.7의 pH를 가질 수 있다. 최종 용액의 pH에 대한 비제한적인 예는 6.8, 6.9, 7.0, 7.1, 7.2, 7.3, 7.4, 7.5, 7.6 또는 7.7의 pH를 포함한다.

[0935] *부형제*

[0936] 본 개시내용의 제형은 각각 함께 AAV 입자의 안정성을 증가시키고, 바이러스 입자에 의한 세포 형질감염 또는 형질도입을 증가시키고, 바이러스 입자 암호화된 단백질의 발현을 증가시키고/시키거나 AAV 입자 암호화된 단백질의 방출 프로파일을 변경시키는 양으로 하나 이상의 부형제를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 약제학적으로 허용 가능한 부형제는 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99% 또는 100% 순수할 수

있다. 일부 실시형태에서, 부형제는 인간 및 수의학 용도로 사용하기 위해 승인되었다. 일부 실시형태에서, 부형제는 미국 식품의약국(United States Food and Drug Administration)에 의해 승인될 수 있다. 일부 실시형태에서, 부형제는 약제학적 등급일 수 있다. 일부 실시형태에서, 부형제는 미국 약전(USP), 유럽 약전(EP), 영국 약전 및/또는 국제 약전의 기준을 충족할 수 있다.

[0937] 본 명세서에서 사용되는 바와 같은 부형제는 목적하는 특정 투여 형태에 적합한 모든 용매, 분산 매질, 희석제 또는 기타 액체 비히클, 분산 또는 현탁액 보조제, 표면 활성제, 등장화제, 증점제 또는 유화제, 보존제 등을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 약제학적 조성물을 제형화하기 위한 다양한 부형제 및 조성물을 제조하는 기법은 당업계에 공지되어 있다(문헌[Remington: The Science and Practice of Pharmacy, 21st Edition, A. R. Gennaro, Lippincott, Williams & Wilkins, Baltimore, MD, 2006] 참조; 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있음). 종래의 부형제 매질의 사용은 임의의 종래의 부형제 매질이 임의의 바람직하지 않은 생물학적 효과를 생성하거나 또는 그렇지 않으면 약제학적 조성물의 임의의 다른 성분(들)과 함께 유해한 방식으로 상호작용하는 것과 같이 물질 또는 이의 유도체와 양립할 수 없는 경우를 제외하고는, 본 개시내용의 범위 내에서 상정될 것이다.

[0938] *비활성 성분*

[0939] 일부 실시형태에서, AAV 제형은 비활성 성분인 적어도 하나의 부형제를 포함할 수 있다. 본 명세서에서 사용되는 용어 "비활성 성분"은 제형에 포함된 약제학적 조성물의 활성에 기여하지 않는 1종 이상의 작용제를 지칭한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 제형에 사용될 수 있는 비활성 성분의 전부 또는 일부는 미국 식품의약국(FDA)에 의해 승인될 수 있다.

[0940] 본 명세서에 개시된 AAV 입자의 제형은 양이온 또는 음이온을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 제형은 Zn^{2+}, Ca^{2+}, Cu^{2+}, Mg^{+} 또는 이들의 조합과 같지만 이에 제한되지 않는 금속 양이온을 포함한다. 일부 실시형태에서, 제형은 금속 양이온과 복합체화된 중합체 또는 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있다(예를 들어, 미국 특허 제6,265,389호 및 제6,555,525호 참조, 각각의 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있음).

[0941] **V. 용도 및 적용**

[0942] 본 개시내용의 조성물은 대상체에게 투여되거나 또는 GCase 단백질의 양 또는 기능이 결핍되거나 또는 감소된 GCase 단백질 발현과 관련된 질환 또는 병태가 있는 대상체에게 투여하기 위한 약제의 제조에 사용될 수 있다. 일부 실시형태에서, 질환은 파킨슨병(PD), 예를 들어, GBA 유전자에 돌연변이가 있는 PD이다. 소정의 실시형태에서, GCase 단백질을 포함하는 AAV 입자는 파킨슨병, 예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD를 치료하기 위해 대상체에게 투여될 수 있다. 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자의 투여는 중추신경계 경로를 변성으로부터 보호할 수 있다. 본 명세서에 기재된 조성물 및 방법은 또한 고셔병(예컨대, 제1형 또는 2 GD) 및 루이소체 치매 및 다른 GBA-관련 장애를 치료하는 데 유용하다.

[0943] 일부 실시형태에서, AAV 입자의 전달은 CNS 세포에서의 콜레스테롤 축적에 의해 측정되는 바와 같이(예를 들어, 필리핀 염색 및 정량화에 의해 결정되는 바와 같이) GBA-관련 장애의 진행을 중단시키거나 또는 늦출 수 있다. 소정의 실시형태에서, AAV 입자의 전달은, 예를 들어, GBA-관련 장애의 인지, 근육, 신체 및 감각 증상을 포함하는 GBA-관련 장애의 증상을 개선한다.

[0944] 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 생체이용률을 개선하고, 대사를 감소 및/또는 변경시키고/시키거나 신체 내 분포를 변경할 수 있는 작용제와 조합된 약제학적, 예방적, 진단적 또는 영상화 조성물의 전달을 포함한다.

[0945] 소정의 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 약제학적 조성물은 연구 도구로서, 특히 HEK293T와 같은 인간 세포주를 사용하는 시험관내 조사 및 인간 임상 시험 이전에 일어날 비인간 영장류에서의 생체내 테스트에서 사용된다.

[0946] *CNS 질환*

[0947] 본 개시내용은 임의의 바이러스 입자, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 GCase 단백질(즉, 바이러스 게놈 또는 "VG")을 생산하는 AAV, AAV 입자 또는 AAV 게놈을 대상체에게 투여하거나, 또는 상기 AAV 입자 또는 AAV 게놈을 대상체에게 투여하거나 또는 약제학적 조성물을 포함하는 임의의 기재된 조성물을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는, 인간 대상체를 포함하는 포유동물 대상체에서 질환, 장애 및/또는 병태를 치료하는 방법을 제공한다.

[0948] 일부 실시형태에서, GCase 단백질 또는 이들의 변이체를 포함하는 치료제인 기능적 페이로드의 전달을 통해 본

개시내용의 AAV 입자는 CNS에서 유전자 산물의 수준 또는 기능을 조절할 수 있다.

[0949] 기능적 페이로드는 이를 필요로 하는 대상체에서 유전자 산물의 비정상적인 수준 및/또는 기능(예를 들어, 단백질의 부재 또는 결함)으로 인해 발생하는 증상을 완화 또는 감소시키거나 또는 그렇지 않으면 이를 필요로 하는 대상체에서 CNS 장애에 대해 혜택을 부여할 수 있다.

[0950] 비제한적인 예로서, 본 개시내용의 AAV 입자에 의해 전달되는 동반 또는 조합 치료제는 성장 및 영양 인자, 사이토카인, 호르몬, 신경전달물질, 효소, 항-세포자멸성 인자, 혈관신생 인자, GCase 단백질 및 GBA-관련 장애와 같은 병리학적 장애에서 돌연변이되는 것으로 알려진 임의의 단백질을 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0951] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 CNS의 성장 및 발달 장애와 관련된 질환, 즉, 신경발달 장애를 치료하는 데 사용될 수 있다. 일부 양태에서, 이러한 신경발달 장애는 유전적 돌연변이에 의해 야기될 수 있다.

[0952] 일부 실시형태에서, 신경학적 장애는 CNS에 신경학적 기원이 있는 운동 및/또는 감각 증상을 갖는 기능적 신경학적 장애일 수 있다. 비제한적인 예로서, 기능적 신경학적 장애는 만성 통증, 발작, 언어 문제, 비자발적 움직임 또는 수면 장애일 수 있다.

[0953] 일부 실시형태에서, 신경학적 또는 신경근 질환, 장애 및/또는 병태는 GBA-관련 장애이다. 일부 실시형태에서, AAV 입자의 전달은 GBA-관련 장애에 대한 공지된 분석 방법 및 비교 그룹을 사용하여 GBA-관련 장애의 질환 진행을 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 95% 초과하여 중단시키거나 또는 늦출 수 있다. 비제한적인 예로서, AAV 입자의 전달은 CNS 세포에서 콜레스테롤 축적에 의해 측정되는 바와 같이(예를 들어, 필리핀 염색 및 정량화에 의해 결정되는 바와 같이) GBA-관련 장애의 진행을 중단시키거나 또는 늦출 수 있다.

[0954] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자는 조직 내 GCase 단백질의 양을 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 11%, 12%, 13%, 14%, 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 99% 또는 100% 초과하여 증가시킨다. 일부 실시형태에서, 페이로드를 암호화하는 AAV 입자는 조직 내 GCase 단백질의 양을 건강한 대상체의 상응하는 조직 내 GCase 단백질의 양과 유사하게(예를 들어, 거의 동일하게) 증가시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 페이로드를 암호화하는 AAV 입자는 감소된 GCase 단백질 발현 또는 GCase 단백질의 양 및/또는 기능의 결핍과 관련된 질환의 하나 이상의 증상을 감소시키는 데 효과적인 조직 내 GCase 단백질의 양을 증가시킬 수 있다.

[0955] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자 및 AAV 벡터 게놈은 대상체에게 투여되거나 또는 표적 세포에 도입 시 증가 GBA 활성을 기준선 GBA 활성에 비해 2배 내지 3배 증가시킨다. GBA 활성이 결핍된 대상체 또는 표적 세포의 경우, GBA-관련 장애가 있는 대상체 또는 GBA 유전자에 돌연변이를 보유하는 세포 또는 조직의 경우와 같이, 본 명세서에 기재된 AAV 입자 및 AAV 벡터 게놈은 GBA 활성을 GBA-관련 장애를 앓지 않거나 또는 GBA 유전자 돌연변이를 보유하지 않은 대상체, 조직 및 세포에서의 GBA 활성 수준에 의해 정의된 정상 수준으로 회복시킨다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자 및 AAV 벡터 게놈은 GBA-관련 장애가 있는 대상체 또는 GBA 유전자에 돌연변이를 보유하는 세포 또는 조직에서 α-시누클레인 수준을 효과적으로 감소시킨다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자 및 AAV 벡터 게놈은 α-시누클레인 매개성 병리를 효과적으로 예방한다.

[0956] *치료적 적용*

[0957] 본 개시내용은 추가적으로 임의의 AAV 입자 또는 본 명세서에 기재된 약제학적 조성물을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는, 인간 대상체를 포함하는 포유동물 대상체에서 비감염성 질환 및/또는 장애를 치료하는 방법을 제공한다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 방법에 따라 치료되는 비감염성 질환 및/또는 장애는 파킨슨병(PD)(예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD), 루이소체 치매(DLB), 다계통 위축증(Multiple System Atrophy: MSA), 감소된 근육 질량, 척수성 근위축증(SMA), 알츠하이머병(Alzheimer's disease: AD), 근위축성 측삭경화증(Amyotrophic lateral sclerosis: ALS), 헌팅턴병(Huntington's Disease: HD), 다발성 경화증(MS), 뇌졸중, 편두통, 통증, 신경장해, 조현병, 양극성 장애 및 자폐증을 포함하는 정신과적 장애, 암, 안구 질환, 혈액, 심장 및 뼈의 전신 질환, 면역 시스템 및 자가면역 질환 및 염증성 질환을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0958] 본 개시내용은 질환 진행을 둔화, 정지 또는 역전시키기 위해 본 발명의 치료학적 유효량의 AAV 입자를 인간 대상체를 포함하는 이를 필요로 하는 대상체에게 투여하는 방법을 제공한다. 비제한적인 예로서, 질환 진행은 당업자에게 공지된 테스트 또는 진단적 도구(들)에 의해 측정될 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 질환 진행

은 대상체의 뇌, CSF 또는 다른 조직의 병리학적 특징의 변화에 의해 측정될 수 있다.

[0959] *고셔병*

[0960] 동종접합 또는 복합 이종접합 GBA 돌연변이는 고셔병("GD")을 유발한다. 전체 내용이 참조에 의해 원용되어 있는 문헌[Sardi, S. Pablo, Jesse M. Cedarbaum, and Patrik Brundin. Movement Disorders 33.5 (2018): 684-696]을 참조한다. 고셔병은 가장 널리 퍼져 있는 라이소솜 축적 장애 중 하나로, 일반 인구에서 100,000명당 0.4명 내지 5.8명의 표준화된 출생 발생률로 추정된다. 이종접합 GBA 돌연변이는 PD를 유발할 수 있다. 실제로, GBA 돌연변이는 전체 PD 환자의 7% 내지 10%에서 발생하며, GBA 돌연변이는 PD의 가장 중요한 유전적 위험 인자가 된다. PD-GBA 환자는 라이소솜 효소 베타-글루코세레브로시데이스(GCase)의 수준이 감소하여 글리코스핑고지질 글루코실세라마이드(GluCer)의 축적이 증가하며, 이는 결국 악화된 α-시누클레인 응집 및 수반되는 신경학적 증상과 상관관계가 있다. 고셔병 및 PD뿐만 아니라 루이소체 치매와 같은 루이소체 질환을 비롯한 기타 라이소솜 축적 장애 및 관련 질환은 경우에 따라 GBA 유전자에서 공통 병인을 공유한다. 전체 내용이 참조에 의해 원용되어 있는 문헌[Sidransky, E. and Lopez, G. Lancet Neurol. 2012 November; 11(11): 986-998]을 참조한다.

[0961] 고셔병은 아슈케나지 유대인 인구 중에서 가장 일반적인 유형의 고셔병인 GD1(제1형 GD)로 나타날 수 있다. 일부 실시형태에서, 유형 I GD는 비신경병증성 GD(예를 들어, CNS에 영향을 미치지 않으며, 예를 들어, CNS 외부의 세포 및 조직, 예를 들어, 말초 세포 또는 조직, 예를 들어, 심장 조직, 간 조직, 비장 조직 또는 이들의 조합에 영향을 미침)이다. 아슈케나지 유대인 인구 중 보인자(carrier) 빈도는 대략 12명 중 1명이다. GD2(제2형 GD)는 급성 신경병증성 GD(예를 들어, CNS, 예를 들어, 뇌, 척수 또는 둘 다의 세포 및 조직에 영향을 미침)를 특징으로 하며, 150,000명의 정상 출생 중 1명의 발생률로 추정된다. GD2는 전형적으로 약 1세에 나타나는 조기 발병 질환이다. 내장 침범은 광범위하고 심각하며, 안구운동 장애, 연수 마비, 전신 쇠약 및 진행성 발달 지연을 포함하는 CNS 질환의 수많은 속성을 가지고 있다. GD2는 심각한 긴장항진, 경직, 활모양 강직, 연하곤란 및 발작으로 진행되며, 전형적으로 2세 이전에 사망한다. GD3(제3형 GD)은 아급성 신경병성 GD를 특징으로 하며 200,000명의 정상 출생 중 1명의 발생률로 추정된다. GD3은 전형적으로 특징적인 표정이 없는 얼굴(mask-like face), 사시, 핵상 주시 마비 및 잘못된 수직 주시 마비 개시를 포함하여 뚜렷한 신경학적 징후를 나타낸다. GD2 및 GD3은 각각 진행성 뇌병증, 발달 지연, 인지 장애, 진행성 치매, 운동실조, 간대성 근경련 및 다양한 주시 마비와 관련되는 것으로 추가로 특징지어진다. 반면에, GD1은 내장 비대, 골수 및 골격 및 폐 병리, 출혈 체질 및 발달 지연과 같은 다양한 병인을 가질 수 있다. GD1은 추가로 혈액학적 악성종양의 비율 증가와 관련이 있다.

[0962] 글루코세레브로시데이스(GCase)의 결핍은 GD의 기저 메커니즘이다. 낮은 GCase 활성은 대식세포의 라이소솜 내에서 글루코세레브로사이드 및 다른 당지질의 축적으로 이어진다. 축적은 대조군 세포 또는 GCase 결핍이 없는 대상체보다 약 20-배 내지 약 100-배 더 높은 양일 수 있다. 대식세포에서 병리학적 지질 축적은 GD 환자의 간 및 비장에서 관찰되는 추가적인 조직 질량의 2% 미만을 차지한다. 장기 무게 및 부피의 추가적인 증가는 염증성 및 과형성성 세포 반응에 기인한다.

[0963] GD의 현재 치료는 재조합 효소, 이미글루세레이스, 탈리글루세레이스 알파 및 베라글루세레이스 알파의 투여를 포함한다. 그러나, 이러한 정맥내 효소 요법은 혈액 뇌 장벽(BBB)을 통과하지 않으며, 파킨슨병 또는 기타 신경병증성 형태의 GD를 동반한 GD의 치료에 적합하지 않다.

[0964] *파킨슨병*

[0965] 파킨슨병(PD)은 특히 뇌의 흑질에 영향을 미치는 신경계의 진행성 장애이다. PD는 도파민 생산 뇌 세포의 손실의 결과로 발생한다. PD의 전형적인 초기 증상은 사지, 예를 들어, 손, 팔, 다리, 발 및 얼굴의 흔들림 또는 떨림을 포함한다. 추가적인 특징적인 증상은 사지 및 몸통의 경직, 느린 움직임 또는 움직일 수 없음, 손상된 균형 및 협응, 인지 변화 및 정신과적 병태, 예를 들어, 우울증 및 환시이다. PD에는 가족성 및 특발성 형태가 모두 있으며, 이는 유전적 및 환경적 요인과 관련되어 있음을 시사한다. PD는 전 세계적으로 400만 명이 넘는 사람들에게 영향을 미친다. 미국에서는 매년 대략 60,000건의 사례가 확인된다. 일반적으로 PD는 50세 이상에서 시작된다. 병태의 초기-발병 형태는 50세 미만에서 시작되고, 청소년-발병 PD는 20세 이전에 시작된다.

[0966] PD와 관련된 도파민 생산 뇌 세포의 사멸은 알파-시누클레인 단백질의 응집, 침착 및 기능장애와 관련이 있다(예를 들어, 문헌[Marques and Outeiro, 2012, Cell Death Dis. 3:e350, Jenner, 1989, J Neurol Neurosurg Psychiatry. Special Supplement, 22-28] 및 그 안의 참고문헌 참조). 연구는 알파-시누클레인이 시냅스 전 신

호전달, 막 수송 및 도파민 방출 및 수송의 조절에 역할을 함을 시사한다. 예를 들어, 올리고머 형태의 알파-시누클레인 응집체는 뉴런 장애 및 사멸의 원인이 되는 종으로 제안되었다. 알파-시누클레인 유전자(SNCA)의 돌연변이는 PD의 가족성 형태에서 확인되었지만, 환경적 인자, 예를 들어, 신경독도 알파-시누클레인 응집에 영향을 미친다. PD에서 뇌 세포 사멸의 다른 제안된 원인은 프로테아솜 및 라이소솜 시스템의 기능장애, 감소된 미토콘드리아 활성이다.

[0967] PD는 "시누클레인병증"으로도 지칭되는 알파-시누클레인 응집과 관련된 다른 질환과 관련이 있다. 이러한 질환은 파킨슨병 치매(PDD), 다계통 위축증(MSA), 루이소체 치매, 청소년-발병 전신 신경축삭 이영양증(할러보르덴-슈파츠병), 순수 자율신경 부전(pure autonomic failure: PAF), 뇌 철 축적 유형-1(NBIA-1)을 동반하고 알츠하이머병과 파킨슨병이 결합된 신경변성을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0968] 현재까지, PD에 대한 치료 또는 예방 요법은 확인되지 않았다. 이용 가능한 다양한 약물 요법은 증상을 완화시킬 수 있다. 증후성 의학 치료제의 비제한적인 예는 경직 및 느린 움직임을 감소시키는 카비도파와 레보도파 조합 및 떨림 및 경직을 감소시키는 항콜린제를 포함한다. 다른 선택적 요법은, 예를 들어, 심부 뇌 자극 및 수술을 포함한다. 근본적인 병태생리에 영향을 미치는 요법에 대한 필요성이 남아있다. 예를 들어, 알파-시누클레인 단백질 또는 PD에서 뇌 세포 사멸과 관련된 다른 단백질을 표적으로 하는 항체가 PD를 예방 및/또는 치료하는 데 사용될 수 있다.

[0969] 일부 실시형태에서, 본 발명의 방법은 PD(예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD) 및 기타 시누클레인병증을 앓고 있는 대상체를 치료하는 데 사용될 수 있다. 경우에 따라, 본 발명의 방법은 PD(예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD) 및 기타 시누클레인병증이 발생하는 것으로 의심되는 대상체를 치료하는 데 사용될 수 있다.

[0970] AAV 입자 및 본 명세서에 기재된 AAV 입자를 사용하는 방법은 PD, 예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD를 예방, 관리 및/또는 치료하는 데 사용될 수 있다.

[0971] PD 환자의 대략 5%는 GBA 돌연변이를 보유하고 있다: 정상 집단에서의 약 3% 내지 4%와 비교하여 제1형 GD 환자의 10%가 80세 이전에 PD가 발병한다. 추가적으로, 이종접합 또는 동종접합 GBA 돌연변이는 PD의 위험을 20배 내지 30배 증가시키는 것으로 나타났다.

[0972] *루이소체 치매*

[0973] 미만성 루이소체 질환으로도 알려져 있는 루이소체 치매(DLB)는 인지 저하, 변동이 심한 각성 및 주의력, 환시 및 파킨슨병 운동 증상을 특징으로 하는 진행성 치매의 형태이다. DLB는 상염색체 우성 패턴으로 유전될 수 있다. DLB는 미국에서 100만 명이 넘는 개인에게 영향을 미친다. 병태는 전형적으로 50세 이상에서 증상을 나타낸다.

[0974] DLB는 기억 및 운동 제어를 제어하는 뇌 영역의 뉴런의 세포질에서 알파-시누클레인 단백질의 응집체인 루이소체의 비정상적인 축적에 의해 유발된다. 이러한 응집체의 병태생리는 파킨슨병에서 관찰되는 응집체와 매우 유사하며, DLB는 알츠하이머병과도 유사하다. 유전된 DLB는 GBA의 유전자 돌연변이와 관련이 있다.

[0975] 현재로서는 DLB에 대한 치료법 또는 예방 요법은 없다. 이용 가능한 다양한 약물 요법은 병태의 인지, 정신 및 운동 제어 증상을 관리하는 것을 목표로 한다. 증후성 의학적 치료제의 비제한적인 예는, 예를 들어, 인지 증상을 감소시키는 아세틸콜린에스터레이스 저해제 및 경직 및 운동 손실을 감소시키는 레보도파를 포함한다. 근본적인 병태생리에 영향을 미치는 요법에 대한 필요성이 남아있다.

[0976] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 방법은 DLB(예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 DLB)를 앓고 있는 대상체를 치료하는 데 사용될 수 있다. 경우에 따라, 방법은 DLB(예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 DLB)가 발생하는 것으로 의심되는 대상체를 치료하는 데 사용될 수 있다.

[0977] AAV 입자 및 본 발명에 기재된 AAV 입자를 사용하는 방법은 DLB(예를 들어, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 DLB)를 예방, 관리 및/또는 치료하는 데 사용될 수 있다.

[0978] **VI. 투여량 및 투여**

[0979] *투여*

[0980] 일부 양태에서, 본 개시내용은 CNS의 질환 또는 장애의 예방, 치료 또는 개선을 위해 벡터 및 바이러스 입자, 예를 들어, GCase 단백질 또는 이들의 변이체를 암호화하는 AAV 입자에 대한 투여 및/또는 전달 방법을 제공한

다. 예를 들어, AAV 입자의 투여는 GBA-관련 장애를 예방, 치료 또는 개선한다. 따라서, CNS 및 주변부에 걸친 강력하고 광범위한 GCase 단백질 분포는 최대 효능을 위해 바람직하다. 투여 또는 전달을 위한 특정 표적 조직은 CNS 조직, 뇌 조직, 보다 구체적으로 미상-피각, 시상, 상구, 피질 및 뇌량을 포함한다. 특정 실시형태는 본 명세서에 기재된 AAV 입자 및 AAV 벡터 게놈의 미상-피각 및/또는 흑질로의 투여 및/또는 전달을 제공한다. 다른 특정 실시형태는 본 명세서에 기재된 AAV 입자 및 AAV 벡터 게놈의 시상으로의 투여 및/또는 전달을 제공한다.

[0981] 본 개시내용의 AAV 입자는 치료학적으로 효과적인 결과를 초래하는 임의의 경로에 의해 투여될 수 있다. 이들은 장관(장으로), 위장, 경막외(경막으로), 경구(입으로), 경피, 경막주위, 뇌내(대뇌로), 뇌실내(뇌실로), 두개내(두개골로), 경피적(피부에 적용), 피내(피부 자체 내로), 피하(피부 아래), 비강 투여(코를 통해), 정맥내(정맥으로), 정맥내 볼루스, 정맥내 점적, 동맥내(동맥으로), 근육내(근육으로), 심장내(심장으로), 골수내 주입(골수로), 뇌실질내(의 실체(substance)로), 척수강내(척수관으로), 복막내(복막으로의 주입 또는 주사), 방광내 주입, 유리체내(눈을 통해), 해면체내 주사(병리학적 공동으로) 강내(음경의 기저로), 질내 투여, 자궁내, 양막외 투여, 경피(전신 분포를 위해 온전한 피부를 통한 확산), 경점막(점막을 통한 확산), 질경유, 취입(코흡입), 설하, 입술밑, 관장, 안약(결막에), 귀약으로 귓바퀴(귀 안 또는 귀를 통해), 협측(뺨 쪽으로 향해), 결막, 피부, 치아(치아 또는 치아들에), 전기-삼투, 자궁경관내, 부비동내, 기관내, 체외, 혈액투석, 침윤, 사이질, 복강내, 양막내, 관절내, 담도내, 기관지내, 점액낭내, 연골내(연골 내에), 마미내(마미 내에), 수조내(대뇌 수조 내에), 각막내(각막 내에), 치관내, 관상동맥내(관상동맥 내에), 해면체내(음경 해면체의 확장 가능한 공간 내에), 추간판내(디스크 내에), 관내(샘관 내에), 십이지장내(십이지장 내에), 경막내(경막 내에 또는 아래에), 표피내(표피에), 식도내(식도에), 위내(위 내에), 잇몸내(치은 내에), 회장내(소장의 원위부 내에), 병변내(국부화된 병변 내에 또는 이에 직접 도입), 내강내(관의 루멘 내에), 임파선내(림프 내에), 골수내(골수강 내에), 뇌막내(뇌막 내에), 안구내(눈 내에), 난소내(난소 내에), 심막내(심막 내에), 흉강내(흉막 내에), 전립선내(전립선 내에), 폐내(폐 또는 이의 기관지 내에), 부비강내(부비강 또는 부비동 내에), 척수내(척추 내에), 활막낭내(관절의 활막낭 내에), 건내(힘줄 내에), 고환내(고환 내에), 척수강내(뇌척수축의 임의의 수준에서 뇌척수액 내에), 흉곽내(흉곽 내에), 소관내(장기의 세관 내), 종양내(종양 내에), 고막내(중이 내에), 혈관내(혈관 또는 혈관들 내에), 뇌실내(뇌실 내에), 이온영동(가용성 염의 이온이 신체 조직으로 이동하는 전류를 통해), 관개(열린 상처 또는 체강을 씻거나 씻어내어), 후두(후두 바로 위), 코위(코를 통해 위까지), 폐쇄 드레싱 기법(국소 경로 투여 후 해당 부위를 폐쇄하는 드레싱으로 덮음), 안과(눈 외부에), 구강인두(입과 인두로 직접), 비경구, 피부경유, 관절주위, 경막주위, 신경주위, 치주, 직장, 호흡기(국부 또는 전신 효과를 위해 경구 또는 비강 흡입에 의한 기도 내에), 안구뒤(뇌교 뒤 또는 안구 뒤), 연조직, 지주막하, 결막하, 점막하, 연질막하, 국소, 경태반(태반을 통해 또는 이를 가로질러), 경기관(기관의 벽을 통해), 경고막(고실을 가로지르거나 또는 이를 통해), 요관(요관에), 요도(요도에), 질, 미추차단, 진단, 신경 차단, 담관 관류, 심장 관류, 광분반술 또는 척수를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0982] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 표적 세포 또는 조직에 전달되도록 투여된다. 표적 세포로의 전달은 GCase 단백질 발현을 초래한다. 표적 세포는 GCase 단백질 발현 수준을 증가시키는 것이 바람직한 것으로 간주되는 임의의 세포일 수 있다. 표적 세포는 CNS 세포일 수 있다. 이러한 세포 및/또는 조직의 비제한적인 예는 후근 신경절 및 후주, 자기 수용성 감각 뉴런, 클라크 기둥(Clark's column), 얇은다발핵 및 쐐기다발핵, 소뇌 치상핵, 피질척수로 및 이를 포함하는 세포, 베츠 세포 및 심장 세포를 포함한다.

[0983] 일부 실시형태에서, 조성물은 혈액-뇌 장벽, 혈관 장벽 또는 다른 상피 장벽을 가로지르는 방식으로 투여될 수 있다.

[0984] 일부 실시형태에서, 아데노-관련 바이러스(AAV) 입자에 의한 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 GCase 단백질의 전달은 뇌척수액(CSF)으로의 주입을 포함한다. CSF는 뇌의 뇌실에 위치한 맥락막망을 포함하는 특화된 뇌실막 세포에 의해 생성된다. 그런 다음, 뇌에서 생성된 CSF는 뇌와 척수를 포함한 중추신경계를 순환하며 둘러싼다. CSF는 뇌의 뇌실 및 뇌와 척수를 모두 둘러싸는 지주막하 공간을 포함하는 중추신경계 주변을 지속적으로 순환하면서 혈관계로의 생산 및 재흡수의 항상성 균형을 유지한다. CSF의 전체 부피는 개체마다 값이 다를 수 있지만, 하루에 대략 4회 내지 6회 또는 대략 4시간마다 1회 교체된다.

[0985] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 전신 전달에 의해 전달될 수 있다. 일부 실시형태에서, 전신 전달은 혈관내 투여에 의한 것일 수 있다. 일부 실시형태에서, 전신 전달은 정맥내(IV) 투여에 의한 것일 수 있다.

[0986] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 정맥내 전달에 의해 전달될 수 있다.

[0987] 일부 실시형태에서, AAV 입자는, 예를 들어, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌 [Terstappen *et al.* (Nat Rev Drug Discovery, https://doi.org/10.1038/s41573-021-00139-y (2021)), Burgess et al. (Expert Rev Neurother. 15(5): 477-491 (2015)), 및/또는 Hsu et al. (PLOS One 8(2): 1-8)]에 기술되어 있는 바와 같은, 예를 들어, 미세기포의 정맥내 투여와 결합된 집중 초음파(FUS)(FUS-MB) 또는 정맥내 투여와 결합된 MRI-유도 FUS와 결합된 집중 초음파(FUS)를 통해 대상체에게 투여된다.

[0988] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 CSF 경로로의 주사에 의해 전달될 수 있다. CSF 경로로의 전달의 비제한적인 예는 척수강내 및 뇌실내 투여를 포함한다.

[0989] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 시상 전달에 의해 전달될 수 있다.

[0990] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 뇌내 전달에 의해 전달될 수 있다.

[0991] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 심장내 전달에 의해 전달될 수 있다.

[0992] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 두개내 전달에 의해 전달될 수 있다.

[0993] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 대조내(ICM) 전달에 의해 전달될 수 있다.

[0994] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 기관(예를 들어, CNS(뇌 또는 척수))으로의 직접(실질내) 주사에 의해 전달될 수 있다. 일부 실시형태에서, 뇌실질내 전달은 뇌 또는 CNS의 임의의 영역에 대한 것일 수 있다.

[0995] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 선조체내 주사에 의해 전달될 수 있다.

[0996] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 피각으로 전달될 수 있다.

[0997] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 척수로 전달될 수 있다.

[0998] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 뇌의 뇌실에 투여될 수 있다.

[0999] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 뇌실내 전달에 의해 뇌의 뇌실에 투여될 수 있다.

[1000] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 근육내 전달에 의해 투여될 수 있다.

[1001] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 위에 기재된 하나 초과의 경로에 의해 투여된다. 비제한적인 예로서, AAV 입자는 정맥내 전달 및 시상 전달에 의해 투여될 수 있다.

[1002] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 위에 기재된 하나 초과의 경로에 의해 투여된다. 비제한적인 예로서, AAV 입자는 정맥내 전달 및 뇌내 전달에 의해 투여될 수 있다.

[1003] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 위에 기재된 하나 초과의 경로에 의해 투여된다. 비제한적인 예로서, AAV 입자는 정맥내 전달 및 두개내 전달에 의해 투여될 수 있다.

[1004] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 위에 기재된 하나 초과의 경로에 의해 투여된다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 척수강내 및 뇌실내 투여에 의해 전달될 수 있다.

[1005] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 미토콘드리아 장애를 개선 및/또는 교정하기 위해 대상체에게 전달될 수 있다.

[1006] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 뉴런을 보존하기 위해 대상체에게 전달될 수 있다. 뉴런은 일차 및/또는 이차 감각 뉴런일 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV 입자는 후근 신경절 및/또는 이의 뉴런으로 전달된다.

[1007] 일부 실시형태에서, AAV 입자의 투여는 감각 경로의 기능을 보존 및/또는 교정할 수 있다.

[1008] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 정맥내(IV), 뇌실내(ICV), 뇌실질내 및/또는 척수강내(IT) 주입을 통해 전달될 수 있으며, 치료제도 또한 골격근으로 치료제를 전달하기 위해 근육내(IM) 사지 주입을 통해 대상체에게 전달될 수 있다. 혈관내 사지 주입에 의한 AAV의 전달은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌 [Gruntman and Flotte, Human Gene Therapy Clinical Development, 2015, 26(3), 159-164]에 기술되어 있다.

[1009] 일부 실시형태에서, 본 개시내용에 따른 바이러스 벡터 약제학적 조성물의 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 전달은 VG/시간 = mℓ/시간 * VG/mℓ로 정의된 전달 속도를 포함하되, 여기서 VG는 바이러스 게놈이고, VG/mℓ는 조성물 농도이며, mℓ/시간은 주입 속도이다.

[1010] 일부 실시형태에서, 본 개시내용에 따른 AAV 입자 약제학적 조성물의 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 전달은 최대 1mℓ의 주입을 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용에 따른 바이러스 벡터 약제학적 조성물의

중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 전달은 0.0001㎖, 0.0002㎖, 0.001㎖, 0.002㎖, 0.003㎖, 0.004㎖, 0.005㎖, 0.008㎖, 0.010㎖, 0.015㎖, 0.020㎖, 0.025㎖, 0.030㎖, 0.040㎖, 0.050㎖, 0.060㎖, 0.070㎖, 0.080㎖, 0.090㎖, 0.1㎖, 0.2㎖, 0.3㎖, 0.4㎖, 0.5㎖, 0.6㎖, 0.7㎖, 0.8㎖ 또는 0.9㎖의 주입을 포함할 수 있다.

[1011] 일부 실시형태에서, 본 개시내용에 따른 AAV 입자 약제학적 조성물의 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 전달은 약 1㎖ 내지 약 120㎖의 주입을 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용에 따른 바이러스 벡터 약제학적 조성물의 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 전달은 0.1㎖, 1㎖, 1.1㎖, 1.2㎖, 1.3㎖, 1.4㎖, 1.5㎖, 1.6㎖, 1.7㎖, 1.8㎖, 1.9㎖, 2㎖, 3㎖, 4㎖, 5㎖, 6㎖, 7㎖, 8㎖, 9㎖, 10㎖, 11㎖, 12㎖, 13㎖, 14㎖, 15㎖, 16㎖, 17㎖, 18㎖, 19㎖, 20㎖, 21㎖, 22㎖, 23㎖, 24㎖, 25㎖, 26㎖, 27㎖, 28㎖, 29㎖, 30㎖, 31㎖, 32㎖, 33㎖, 34㎖, 35㎖, 36㎖, 37㎖, 38㎖, 39㎖, 40㎖, 41㎖, 42㎖, 43㎖, 44㎖, 45㎖, 46㎖, 47㎖, 48㎖, 49㎖, 50㎖, 51㎖, 52㎖, 53㎖, 54㎖, 55㎖, 56㎖, 57㎖, 58㎖, 59㎖, 60㎖, 61㎖, 62㎖, 63㎖, 64㎖, 65㎖, 66㎖, 67㎖, 68㎖, 69㎖, 70㎖, 71㎖, 72㎖, 73㎖, 74㎖, 75㎖, 76㎖, 77㎖, 78㎖, 79㎖, 80㎖, 81㎖, 82㎖, 83㎖, 84㎖, 85㎖, 86㎖, 87㎖, 88㎖, 89㎖, 90㎖, 91㎖, 92㎖, 93㎖, 94㎖, 95㎖, 96㎖, 97㎖, 98㎖, 99㎖, 100㎖, 101㎖, 102㎖, 103㎖, 104㎖, 105㎖, 106㎖, 107㎖, 108㎖, 109㎖, 110㎖, 111㎖, 112㎖, 113㎖, 114㎖, 115㎖, 116㎖, 117㎖, 118㎖, 119㎖ 또는 120㎖의 주입을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 AAV 입자의 전달은 적어도 3㎖의 주입을 포함한다. 일부 실시형태에서, 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 AAV 입자의 전달은 3㎖의 주입으로 이루어진다. 일부 실시형태에서, 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 AAV 입자의 전달은 적어도 10㎖의 주입을 포함한다. 일부 실시형태에서, 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 AAV 입자의 전달은 10㎖의 주입으로 이루어진다.

[1012] 일부 실시형태에서, 대상체의 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로 전달되는 AAV 입자 약제학적 조성물의 부피는 2㎕, 20㎕, 50㎕, 80㎕, 100㎕, 200㎕, 300㎕, 400㎕, 500㎕, 600㎕, 700㎕, 800㎕, 900㎕, 1000㎕, 1100㎕, 1200㎕, 1300㎕, 1400㎕, 1500㎕, 1600㎕, 1700㎕, 1800㎕, 1900㎕, 2000㎕ 또는 2000㎕ 초과이다.

[1013] 일부 실시형태에서, 대상체 뇌의 양쪽 반구의 영역에 전달되는 AAV 입자 약제학적 조성물의 부피는 2㎕, 20㎕, 50㎕, 80㎕, 100㎕, 200㎕, 300㎕, 400㎕, 500㎕, 600㎕, 700㎕, 800㎕, 900㎕, 1000㎕, 1100㎕, 1200㎕, 1300㎕, 1400㎕, 1500㎕, 1600㎕, 1700㎕, 1800㎕, 1900㎕, 2000㎕ 또는 2000㎕ 초과이다. 일부 실시형태에서, 양쪽 반구의 영역에 전달되는 부피는 200㎕이다. 또 다른 비제한적인 예로서, 양쪽 반구의 영역에 전달되는 부피는 900㎕이다. 또 다른 비제한적인 예로서, 양쪽 반구의 영역에 전달되는 부피는 1800㎕이다.

[1014] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용에 따른 AAV 입자 또는 바이러스 벡터 약제학적 조성물은 약 10㎕/부위 내지 약 600㎕/부위, 약 50㎕/부위 내지 약 500㎕/부위, 약 100㎕/부위 내지 약 400㎕/부위, 약 120㎕/부위 내지 약 300㎕/부위, 약 140㎕/부위 내지 약 200㎕/부위 또는 약 160㎕/부위로 투여될 수 있다.

[1015] 일부 실시형태에서, 대상체에게 전달되는 총 부피는 하나 이상의 투여 부위, 예를 들어, 1개, 2개, 3개, 4개, 5개 또는 5개 초과의 부위 사이에서 분할될 수 있다. 일부 실시형태에서, 총 부피는 좌반구 및 우반구에 대한 투여 사이에서 분할된다.

[1016] *AAV 입자의 전달*

[1017] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제8,999,948호 또는 국제 공개 제WO2014178863호에 기술되어 있는 질환의 치료 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1018] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제20150126590호에 기술되어 있는 바와 같은 알츠하이머병 또는 기타 신경퇴행성 병태에서 유전자 요법을 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1019] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제6,436,708호 및 제8,946,152호 및 국제 공개 제WO2015168666호에 기술되어 있는 바와 같은 CNS 유전자 요법의 전달 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1020] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 유럽 출원 제EP1857552호에 기술되어 있는 AAV 비리온의 전달 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1021] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원

용되어 있는 유럽 출원 제EP2678433호에 기술되어 있는 AAV 벡터를 사용하여 단백질을 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1022] 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 벡터는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 5858351호에 기술되어 있는 AAV 벡터를 사용하여 DNA 분자를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1023] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 6,211,163호에 기술되어 있는 혈류로 DNA를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1024] 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 벡터는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 6325998호에 기술되어 있는 AAV 비리온을 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1025] 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 벡터는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 6335011호에 기술되어 있는 근육 세포로 DNA를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1026] 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 벡터는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 6610290호에 기술되어 있는 근육 세포 및 조직으로 DNA를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1027] 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 벡터는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 7704492호에 기술되어 있는 근육 세포로 DNA를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1028] 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 벡터는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 7112321호에 기술되어 있는 골격근으로 페이로드를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1029] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 7,588,757호에 기술되어 있는 중추신경계로 페이로드를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1030] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 8,283,151호에 기술되어 있는 페이로드를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1031] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 미국 특허 제US 8318687에 기술되어 있는 알츠하이머병의 치료를 위한 페이로드를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1032] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2012144446호에 기술되어 있는 페이로드를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1033] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2001089583호에 기술되어 있는 글루탐산 데카복실레이스(GAD) 전달 벡터를 사용하여 페이로드를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1034] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2012057363호에 기술되어 있는 신경 세포로 페이로드를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1035] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2001096587호에 기술되어 있는 페이로드를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1036] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자 또는 약제학적 조성물은 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2002014487에 기술되어 있는 근육 조직으로 페이로드를 전달하는 방법을 사용하여 투여 또는 전달될 수 있다.

[1037] 일부 실시형태에서, AAV 입자를 투여하기 위해 카테터가 사용될 수 있다. 소정의 실시형태에서, 카테터 또는 캐뉼라는 다중 부위 전달을 위해 척추의 하나 초과의 부위에 위치할 수 있다. 암호화하는 바이러스 입자는 연속 및/또는 볼루스 주입으로 전달될 수 있다. 각 전달 부위는 상이한 투여 양생법일 수 있거나 또는 동일한 투여 양생법이 각 전달 부위에 사용될 수 있다. 일부 실시형태에서, 전달 부위는 경추 및 요추 영역에 있을 수 있다. 일부 실시형태에서, 전달 부위는 경추 영역에 있을 수 있다. 일부 실시형태에서, 전달 부위는 요추 영역에 있을 수 있다.

[1038] 일부 실시형태에서, 대상체는 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 전달 전에 척추 해부학 및 병리에 대해 분석될 수 있다. 비제한적인 예로서, 척추측만증이 있는 대상체는 척추측만증이 없는 대상체와 비교하여 상이한 투여 양생법 및/또는 카테터 위치를 가질 수 있다.

[1039] 일부 실시형태에서, 전달 방법 및 기간은 척수로의 광범위한 형질도입을 제공하도록 선택된다. 일부 실시형태에서, 척수강내 전달은 척수의 문측에서 미측의 길이를 따라 광범위한 형질도입을 제공하기 위해 사용된다. 일부 실시형태에서, 다중 부위 주입은 척수의 문측에서 미측의 길이를 따라 보다 균일한 형질도입을 제공한다.

[1040] *세포로의 전달*

[1041] 일부 양태에서, 본 개시내용은 세포 또는 조직을 상기 AAV 입자와 접촉시키거나, 또는 세포 또는 조직을 상기 AAV 입자를 포함하는 제형과 접촉시키거나 또는 세포 또는 조직을 약제학적 조성물을 포함하는 임의의 기재된 조성물과 접촉시키는 단계를 포함하는, 임의의 위에 기재된 AAV 입자를 세포 또는 조직으로 전달하는 방법을 제공한다. AAV 입자를 세포 또는 조직으로 전달하는 방법은 시험관내, 생체외 또는 생체내에서 달성될 수 있다.

[1042] *대상체로의 전달*

[1043] 일부 양태에서, 본 개시내용은 추가적으로 상기 AAV 입자를 대상체에게 투여하거나, 또는 상기 AAV 입자를 포함하는 제형을 대상체에게 투여하거나 또는 약제학적 조성물을 포함하는 임의의 기재된 조성물을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는, 임의의 위에 기재된 AAV 입자를 포유동물 대상체를 포함하는 대상체에게 전달하는 방법을 제공한다.

[1044] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 혈액 뇌 장벽과 같으나 이에 제한되지 않는 해부학적 차단을 우회하도록 전달될 수 있다.

[1045] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 제형화되어 경구 전달과 비교하여 약물 효과의 속도를 증가시키는 경로에 의해 대상체에게 전달될 수 있다.

[1046] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 척수 및 후근 신경절(DRG)의 균일한 형질도입을 제공하는 방법에 의해 전달될 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV 입자는 척수강내 주입을 사용하여 전달될 수 있다.

[1047] 일부 실시형태에서, 대상체는 볼루스 주입을 사용하여 본 명세서에 기재된 AAV 입자를 투여받을 수 있다. 본 명세서에서 사용되는 "볼루스 주입"은 물질 또는 조성물의 단일 및 신속 주입을 의미한다.

[1048] 일부 실시형태에서, GCase 단백질을 암호화하는 AAV 입자는 연속 및/또는 볼루스 주입으로 전달될 수 있다. 각 전달 부위는 상이한 투여 양생법일 수 있거나 또는 동일한 투여 양생법이 각 전달 부위에 대해 사용될 수 있다. 비제한적인 예로서, 전달 부위는 경추 및 요추 영역에 있을 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 전달 부위는 경추 영역에 있을 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 전달 부위는 요추 영역에 있을 수 있다.

[1049] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 단일 경로 투여를 통해 대상체에게 전달될 수 있다.

[1050] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 다중 부위 투여 경로를 통해 대상체에게 전달될 수 있다. 예를 들어, 대상체는 2개, 3개, 4개, 5개 또는 5개 초과의 부위에서 AAV 입자를 투여받을 수 있다.

[1051] 일부 실시형태에서, 대상체는 수분, 수시간 또는 수일의 기간에 걸쳐 지속 전달을 사용하여 본 명세서에 기재된 AAV 입자를 투여받을 수 있다. 주입 속도는 대상체, 분포, 제형 또는 또 당업자에게 공지된 기타 전달 매개변수에 따라 변경될 수 있다.

[1052] 일부 실시형태에서, AAV 입자의 연속 전달(연속 주입)이 사용되는 경우, 연속 주입은 1시간, 2시간, 3시간, 4시

간, 5시간, 6시간, 7시간, 8시간, 9시간, 10시간, 11시간, 12시간, 13시간, 14시간, 15시간, 16시간, 17시간, 18시간, 19시간, 20시간, 21시간, 22시간, 23시간, 24시간 또는 24시간 초과 동안일 것이다.

[1053] 일부 실시형태에서, 두개내압은 투여 전에 평가될 수 있다. 경로, 부피, AAV 입자 농도, 주입 기간 및/또는 벡터 역가는 대상체의 두개내압에 기초하여 최적화될 수 있다.

[1054] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 전신 전달에 의해 전달될 수 있다. 일부 실시형태에서, 전신 전달은 혈관내 투여에 의해 이루어질 수 있다.

[1055] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 CSF 경로로의 주사에 의해 전달될 수 있다. CSF 경로로의 전달의 비제한적인 예는 척수강내 및 뇌실내 투여를 포함한다.

[1056] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 기관의 실체, 예를 들어, 뇌의 하나 이상의 영역으로의 직접(실질내) 주사에 의해 전달될 수 있다.

[1057] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 척수로의 연질막하 주사에 의해 전달될 수 있다. 예를 들어, 대상체는 척추 고정 장치에 배치될 수 있다. 척수를 노출시키기 위해 추궁 절제술(dorsal laminectomy)이 수행될 수 있다. 카테터 배치를 보조하기 위해 가이딩 튜브 및 XYZ 조작기가 사용될 수 있다. 연질막하 카테터는 가이딩 튜브에서 카테터를 전진시킴으로써 연질막하 공간에 배치될 수 있고, AAV 입자는 카테터를 통해 주입될 수 있다(Miyanohara *et al.*, Mol Ther Methods Clin Dev. 2016; 3: 16046). 경우에 따라, AAV 입자는 경추 연질막하 공간으로 주입될 수 있다. 경우에 따라, AAV 입자는 흉부 연질막하 공간으로 주입될 수 있다.

[1058] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 대상체의 CNS로의 직접 주사에 의해 전달될 수 있다. 일부 실시형태에서, 직접 주사는 뇌내 주사, 뇌실질내 주사, 척수강내 주사, 대조내 주사 또는 임의의 이들의 조합이다. 일부 실시형태에서, 대상체의 CNS로의 직접 주사는 전달 강화 전달법(convection enhanced delivery: CED)을 포함한다. 일부 실시형태에서, 투여는 말초 주사를 포함한다. 일부 실시형태에서, 말초 주사는 정맥내 주사이다.

[1059] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 내인성 수준과 비교하여 미상-피각, 시상, 상구, 피질 및/또는 뇌량에서 GCase 단백질 수준을 증가시키기 위해 대상체에게 전달될 수 있다. 증가는 내인성 수준과 비교하여 0.1x 내지 5x, 0.5x 내지 5x, 1x 내지 5x, 2x 내지 5x, 3x 내지 5x, 4x 내지 5x, 0.1x 내지 4x, 0.5x 내지 4x, 1x 내지 4x, 2x 내지 4x, 3x 내지 4x, 0.1x 내지 3x, 0.5x 내지 3x, 1x 내지 3x, 2x 내지 3x, 0.1x 내지 2x, 0.5x 내지 2x, 0.1x 내지 1x, 0.5x 내지 1x, 0.1x 내지 0.5x, 1x 내지 2x, 0.1x, 0.2x, 0.3x, 0.4x, 0.5x, 0.6x, 0.7x, 0.8x, 0.9x, 1.0x, 1.1x, 1.2x, 1.3x, 1.4x, 1.5x, 1.6x, 1.7x, 1.8x, 1.9x, 2.0x, 2.1x, 2.2x, 2.3x, 2.4x, 2.5x, 2.6x, 2.7x, 2.8x, 2.9x, 3.0x, 3.1x, 3.2x, 3.3x, 3.4x, 3.5x, 3.6x, 3.7x, 3.8x, 3.9x, 4.0x, 4.1x, 4.2x, 4.3x, 4.4x, 4.5x, 4.6x, 4.7x, 4.8x, 4.9x 또는 5x 초과일 수 있다.

[1060] 일부 실시형태에서, AAV 입자는 미상, 피각, 시상, 상구, 피질 및/또는 뇌량에서 GCase 단백질 수준을 증가시키기 위해 이들 CNS 영역으로 세포를 형질도입함으로써 대상체에게 전달될 수 있다. 형질도입은 GCase 단백질에 양성인 세포의 양으로도 언급될 수 있다. 형질도입은 이들 CNS 영역에서 세포의 1%, 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99% 이상일 수 있다.

[1061] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자의 미상-피각, 시상, 상구, 피질 및/또는 뇌량의 뉴런으로의 전달은 GCase 단백질의 증가된 발현으로 이어질 것이다. 증가된 발현은 이들 CNS 영역에서 다양한 세포 유형의 개선된 생존 및 기능 및 GBA-관련 장애 증상의 후속적인 개선으로 이어질 수 있다.

[1062] 특정 실시형태에서, AAV 입자는 신경계 전체에 걸쳐 GCase의 광범위한 분포를 확립하기 위해 대상체의 시상에 AAV 입자를 투여함으로써 대상체에게 전달될 수 있다.

[1063] 구체적으로, 일부 실시형태에서, GCase 단백질의 증가된 발현은 개선된 보행, 감각 능력, 움직임 및 근력의 협응, 기능적 능력, 인지 및/또는 삶의 질로 이어질 수 있다.

[1064] *투여량*

[1065] 일부 양태에서, 본 개시내용은 본 개시내용에 따른 바이러스 벡터 및 이의 페이로드를 이를 필요로 하는 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는 방법을 제공한다. 이의 바이러스 벡터 약제학적, 영상화, 진단적 또는 예방적 조성물은 질환, 장애 및/또는 병태(예를 들어, 감소된 GCase 단백질 발현 또는 GCase 단백질의 양 및/또는 기능의 결핍과 관련된 질환, 장애 및/또는 병태)를 예방, 치료, 진단 또는 영상화하는 데 효과적인 임의의 양 및 임

의의 투여 경로를 사용하여 대상체에게 투여될 수 있다. 일부 실시형태에서, 질환, 장애 및/또는 병태는 GBA-관련 장애이다. 필요한 정확한 양은 대상체의 종, 연령 및 일반적인 병태, 질환의 중증도, 특정 조성물, 이의 투여 방식, 이의 활성 방식 등에 따라 대상체 별로 달라질 것이다. 본 개시내용에 따른 조성물은 전형적으로 투여의 용이성 및 투여량의 균일성을 위해 단위 투여 형태로 제형화된다. 그러나, 본 개시내용의 조성물의 총 1일 사용량은 타당한 의학적 판단의 범주 내에서 주치의에 의해 결정될 수 있는 것으로 이해될 것이다. 임의의 특정 환자에 대한 특정한 치료학적으로 유효한, 예방적으로 유효한 또는 적절한 영상화 용량 수준은 치료될 장애 및 장애의 중증도; 사용되는 특정 화합물의 활성; 사용되는 특정 조성물; 환자의 연령, 체중, 일반적인 건강, 성별 및 식이; 투여 시간, 투여 경로 및 사용되는 특정 펩타이드(들)의 배설 속도; 치료 기간; 사용되는 특정 화합물과 조합하여 또는 동시에 사용되는 약물; 및 의학 분야에서 잘 알려진 인자를 포함한 다양한 인자에 따라 달라질 것이다.

[1066] 소정의 실시형태에서, 본 개시내용에 따른 AAV 입자 약제학적 조성물은 목적하는 치료적, 진단적, 예방적 또는 영상화 효과를 얻기 위해 1일 1회 이상 하루에 대상체 체중의 약 0.0001 mg/kg 내지 약 100 mg/kg, 약 0.001 mg/kg 내지 약 0.05 mg/kg, 약 0.005 mg/kg 내지 약 0.05 mg/kg, 약 0.001 mg/kg 내지 약 0.005 mg/kg, 약 0.05 mg/kg 내지 약 0.5 mg/kg, 약 0.01 mg/kg 내지 약 50 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 40 mg/kg, 약 0.5 mg/kg 내지 약 30 mg/kg, 약 0.01 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 10 mg/kg 또는 약 1 mg/kg 내지 약 25 mg/kg의 GCase 단백질을 전달하기에 충분한 투여량 수준으로 투여될 수 있다. 위의 투여 농도는 kg당 VG 또는 바이러스 게놈으로 전환되거나 또는 당업자에 의해 투여되는 총 바이러스 게놈으로 전환될 수 있음을 이해할 것이다.

[1067] 소정의 실시형태에서, 목적하는 투여량은 다중 투여(예를 들어, 2회, 3회, 4회, 5회, 6회, 7회, 8회, 9회, 10회, 11회, 12회, 13회, 14회 또는 그 초과의 투여)를 사용하여 전달될 수 있다. 다중 투여가 이용될 때, 본 명세서에 기재된 것과 같은 분할 투여 양생법이 사용될 수 있다. 본 명세서에서 사용되는 "분할 용량"은 단일 단위 용량 또는 총 1일 용량의 2회 이상의 용량으로의 분할, 예를 들어, 단일 단위 용량의 2회 이상의 투여이다. 본 명세서에서 사용되는 "단일 단위 용량"은 1회 용량/한 번에/단일 경로/단일 접촉점, 즉, 단일 투여 이벤트로 투여되는 임의의 치료적 조성물의 용량이다. 일부 실시형태에서, 단일 단위 용량은 별개의 투여 형태(예를 들어, 정제, 캡슐, 패치, 적재된 주사기, 바이알 등)로 제공된다. 본 명세서에서 사용되는 "총 1일 용량"은 24-시간의 기간 내에 주어지거나 또는 처방되는 양이다. 이는 단일 단위 용량으로 투여될 수 있다. 바이러스 입자는 완충액만으로 또는 본 명세서에 기재된 제형으로 제형화될 수 있다.

[1068] 본 명세서에 기재된 약제학적 조성물은 국소, 비강내, 폐, 기관내 또는 주사용(예를 들어, 정맥내, 안구내, 유리체내, 근육내, 심장내, 복막내 및/또는 피하)과 같은 본 명세서에 기재된 투여 형태로 제형화될 수 있다.

[1069] 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 입자의 전달은 AAV 입자의 전달의 결과로서 최소한의 심각한 부작용(SAE)을 초래한다.

[1070] 일부 실시형태에서, 본 개시내용에 따른 AAV 입자 약제학적 조성물의 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 전달은 약 1×10^{6} VG/㎖ 내지 약 1×10^{16} VG/㎖의 총 농도를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 전달은 약 1×10^{6}, 2×10^{6}, 3×10^{6}, 4×10^{6}, 5×10^{6}, 6×10^{6}, 7×10^{6}, 8×10^{6}, 9×10^{6}, 1×10^{7}, 2×10^{7}, 3×10^{7}, 4×10^{7}, 5×10^{7}, 6×10^{7}, 7×10^{7}, 8×10^{7}, 9×10^{7}, 1×10^{8}, 2×10^{8}, 3×10^{8}, 4×10^{8}, 5×10^{8}, 6×10^{8}, 7×10^{8}, 8×10^{8}, 9×10^{8}, 1×10^{9}, 2×10^{9}, 3×10^{9}, 4×10^{9}, 5×10^{9}, 6×10^{9}, 7×10^{9}, 8×10^{9}, 9×10^{9}, 1×10^{10}, 2×10^{10}, 3×10^{10}, 4×10^{10}, 5×10^{10}, 6×10^{10}, 7×10^{10}, 8×10^{10}, 9×10^{10}, 1×10^{11}, 1.6×10^{11}, 1.8×10^{11}, 2×10^{11}, 3×10^{11}, 4×10^{11}, 5×10^{11}, 5.5×10^{11}, 6×10^{11}, 7×10^{11}, 8×10^{11}, 9×10^{11}, 0.8×10^{12}, 0.83×10^{12}, 1×10^{12}, 1.1×10^{12}, 1.2×10^{12}, 1.3×10^{12}, 1.4×10^{12}, 1.5×10^{12}, 1.6×10^{12}, 1.7×10^{12}, 1.8×10^{12}, 1.9×10^{12}, 2×10^{12}, 2.1×10^{12}, 2.2×10^{12}, 2.3×10^{12}, 2.4×10^{12}, 2.5×10^{12}, 2.6×10^{12}, 2.7×10^{12}, 2.8×10^{12}, 2.9×10^{12}, 3×10^{12}, 3.1×10^{12}, 3.2×10^{12}, 3.3×10^{12}, 3.4×10^{12}, 3.5×10^{12}, 3.6×10^{12}, 3.7×10^{12}, 3.8×10^{12}, 3.9×10^{12}, 4×10^{12}, 4.1×10^{12}, 4.2×10^{12}, 4.3×10^{12}, 4.4×10^{12}, 4.5×10^{12}, 4.6×10^{12}, 4.7×10^{12}, 4.8×10^{12}, 4.9×10^{12}, 5×10^{12}, 6×10^{12}, 7×10^{12}, 8×10^{12}, 9×10^{12}, 1×10^{13}, 2×10^{13}, 2.3×10^{13}, 3×10^{13}, 4×10^{13}, 5×10^{13}, 6×10^{13}, 7×10^{13}, 8×10^{13}, 9×10^{13}, 1×10^{14}, 1.9×10^{14}, 2×10^{14}, 3×10^{14}, 4×10^{14}, 5×10^{14}, 6×10^{14}, 7×10^{14}, 8×10^{14}, 9×10^{14}, 1×10^{15}, 2×10^{15}, 3×10^{15}, 4×10^{15}, $5\times$

10^{15}, 6×10^{15}, 7×10^{15}, 8×10^{15}, 9×10^{15} 또는 1×10^{16} VG/㎖의 조성물 농도를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 1×10^{13} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 1.1×10^{12} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 3.7×10^{12} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 8×10^{11} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 2.6×10^{12} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 4.9×10^{12} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 0.8×10^{12} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 0.83×10^{12} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 바이알에 포함될 수 있는 최대의 최종 용량이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 1.6×10^{11} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 5×10^{11} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 2.3×10^{13} VG/㎖이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 1.9×10^{14} VG/㎖이다.

[1071] 일부 실시형태에서, 본 개시내용에 따른 AAV 입자 약제학적 조성물의 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 전달은 약 1×10^{6} VG 내지 약 1×10^{16} VG의 대상체당 총 농도를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 전달은 약 1×10^{6}, 2×10^{6}, 3×10^{6}, 4×10^{6}, 5×10^{6}, 6×10^{6}, 7×10^{6}, 8×10^{6}, 9×10^{6}, 1×10^{7}, 2×10^{7}, 3×10^{7}, 4×10^{7}, 5×10^{7}, 6×10^{7}, 7×10^{7}, 8×10^{7}, 9×10^{7}, 1×10^{8}, 2×10^{8}, 3×10^{8}, 4×10^{8}, 5×10^{8}, 6×10^{8}, 7×10^{8}, 8×10^{8}, 9×10^{8}, 1×10^{9}, 2×10^{9}, 3×10^{9}, 4×10^{9}, 5×10^{9}, 6×10^{9}, 7×10^{9}, 8×10^{9}, 9×10^{9}, 1×10^{10}, 2×10^{10}, 3×10^{10}, 4×10^{10}, 5×10^{10}, 6×10^{10}, 7×10^{10}, 8×10^{10}, 9×10^{10}, 1×10^{11}, 1.6×10^{11}, 2×10^{11}, 2.1×10^{11}, 2.2×10^{11}, 2.3×10^{11}, 2.4×10^{11}, 2.5×10^{11}, 2.6×10^{11}, 2.7×10^{11}, 2.8×10^{11}, 2.9×10^{11}, 3×10^{11}, 4×10^{11}, 4.6×10^{11}, 5×10^{11}, 6×10^{11}, 7×10^{11}, 7.1×10^{11}, 7.2×10^{11}, 7.3×10^{11}, 7.4×10^{11}, 7.5×10^{11}, 7.6×10^{11}, 7.7×10^{11}, 7.8×10^{11}, 7.9×10^{11}, 8×10^{11}, 9×10^{11}, 1×10^{12}, 1.1 x10^{12}, 1.2×10^{12}, 1.3×10^{12}, 1.4×10^{12}, 1.5×10^{12}, 1.6×10^{12}, 1.7×10^{12}, 1.8×10^{12}, 1.9×10^{12}, 2×10^{12}, 2.3×10^{12}, 3×10^{12}, 4×10^{12}, 4.1×10^{12}, 4.2×10^{12}, 4.3×10^{12}, 4.4×10^{12}, 4.5×10^{12},4.6×10^{12}, 4.7×10^{12}, 4.8×10^{12}, 4.9×10^{12}, 5×10^{12}, 6×10^{12}, 7×10^{12}, 8×10^{12}, 8.1×10^{12}, 8.2×10^{12}, 8.3×10^{12}, 8.4×10^{12}, 8.5×10^{12}, 8.6×10^{12}, 8.7×10^{12}, 8.8 x10^{12}, 8.9×10^{12}, 9×10^{12}, 1×10^{13}, 2×10^{13}, 3×10^{13}, 4×10^{13}, 5×10^{13}, 6×10^{13}, 7×10^{13}, 8×10^{13}, 9×10^{13}, 1×10^{14}, 2×10^{14}, 3×10^{14}, 4×10^{14}, 5×10^{14}, 6×10^{14}, 7×10^{14}, 8×10^{14}, 9×10^{14}, 1×10^{15}, 2×10^{15}, 3×10^{15}, 4×10^{15}, 5×10^{15}, 6×10^{15}, 7×10^{15}, 8×10^{15}, 9×10^{15} 또는 1×10^{16} VG/대상체의 조성물 농도를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 2.3×10^{11} VG/대상체이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 7.2×10^{11} VG/대상체이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 7.5×10^{11} VG/대상체이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 1.4×10^{12} VG/대상체이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 4.8×10^{12} VG/대상체이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 8.8×10^{12} VG/대상체이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 2.3×10^{12} VG/대상체이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 2×10^{10} VG/대상체이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 1.6×10^{11} VG/대상체이다. 일부 실시형태에서, 조성물 내 바이러스 벡터의 농도는 4.6×10^{11} VG/대상체이다.

[1072] 일부 실시형태에서, 중추신경계의 세포(예를 들어, 실질)로의 AAV 입자의 전달은 약 1×10^{6} VG 내지 약 1×10^{16} VG의 총 용량을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 전달은 약 1×10^{6}, 2×10^{6}, 3×10^{6}, 4×10^{6}, 5×10^{6}, 6×10^{6}, 7×10^{6}, 8×10^{6}, 9×10^{6}, 1×10^{7}, 2×10^{7}, 3×10^{7}, 4×10^{7}, 5×10^{7}, 6×10^{7}, 7×10^{7}, 8×10^{7}, 9×10^{7}, 1×10^{8}, 2×10^{8}, 3×10^{8}, 4×10^{8}, 5×10^{8}, 6×10^{8}, 7×10^{8}, 8×10^{8}, 9×10^{8}, 1×10^{9}, 2×10^{9}, 3×10^{9}, 4×10^{9}, 5×10^{9}, $6\times$

10^{9}, 7×10^{9}, 8×10^{9}, 9×10^{9}, 1×10^{10}, 1.9×10^{10}, 2×10^{10}, 3×10^{10}, 3.73×10^{10}, 4×10^{10}, 5×10^{10}, 6×10^{10}, 7×10^{10}, 8×10^{10}, 9×10^{10}, 1×10^{11}, 2×10^{11}, 2.5×10^{11}, 3×10^{11}, 4×10^{11}, 5×10^{11}, 6×10^{11}, 7×10^{11}, 8×10^{11}, 9×10^{11}, 1×10^{12}, 2×10^{12}, 3×10^{12}, 4×10^{12}, 5×10^{12}, 6×10^{12}, 7×10^{12}, 8×10^{12}, 9×10^{12}, 1×10^{13}, 2×10^{13}, 3×10^{13}, 4×10^{13}, 5×10^{13}, 6×10^{13}, 7×10^{13}, 8×10^{13}, 9×10^{13}, 1×10^{14}, 2×10^{14}, 3×10^{14}, 4×10^{14}, 5×10^{14}, 6×10^{14}, 7×10^{14}, 8×10^{14}, 9×10^{14}, 1×10^{15}, 2×10^{15}, 3×10^{15}, 4×10^{15}, 5×10^{15}, 6×10^{15}, 7×10^{15}, 8×10^{15}, 9×10^{15} 또는 1×10^{16} VG의 총 용량을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 총 용량은 1×10^{13} VG이다. 일부 실시형태에서, 총 용량은 3×10^{13} VG이다. 일부 실시형태에서, 총 용량은 3.73×10^{10} VG이다. 일부 실시형태에서, 총 용량은 1.9×10^{10} VG이다. 일부 실시형태에서, 총 용량은 2.5×10^{11} VG이다. 일부 실시형태에서, 총 용량은 5×10^{11} VG이다. 일부 실시형태에서, 총 용량은 1×10^{12} VG이다. 일부 실시형태에서, 총 용량은 5×10^{12} VG이다.

[1073] *조합*

[1074] AAV 입자는 하나 이상의 다른 치료제, 예방제, 진단제 또는 영상화제와 조합하여 사용될 수 있다. "와 조합하여"라는 어구는 작용제가 동시에 투여되어야 하고/하거나 함께 전달되도록 제형화되어야만 하는 것을 요구하는 것으로 의도되지 않지만, 이러한 전달 방법은 본 개시내용의 범위 내에 있다. 조성물은 하나 이상의 다른 목적하는 치료제 또는 의학적 절차와 동시에, 그 이전에 또는 이후에 투여될 수 있다. 일반적으로, 각 작용제는 해당 작용제에 대해 결정된 용량 및/또는 시간 스케줄로 투여될 것이다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 생체이용률을 개선하고, 대사를 감소 및/또는 변경시키고/시키거나 신체 내 분포를 변경할 수 있는 작용제와 조합된 약제학적, 예방적, 진단적 또는 영상화 조성물의 전달을 포함한다.

[1075] 치료제는 미국 식품의약국의 승인을 받았을 수 있거나, 또는 임상 시험 중이거나 또는 전임상 연구 단계에 있을 수 있다. 치료제는 유전자 침묵화 또는 간섭(즉, miRNA, siRNA, RNAi, shRNA), 유전자 편집(즉, TALEN, CRISPR/Cas9 시스템, 아연 핑거 뉴클레이스) 및 유전자, 단백질 또는 효소 대체를 포함하는 비제한적인 예와 함께 당업계에 공지된 임의의 치료 양식을 이용할 수 있다.

[1076] *발현의 측정*

[1077] 바이러스 게놈으로부터의 GCase 단백질의 발현은 면역화학(예를 들어, IHC), 효소-결합 면역흡착 검정(ELISA), 친화도 ELISA, ELISPOT, 유동세포 분석법, 면역세포학, 표면 플라즈몬 공명 분석, 동역학적 배제 검정, 액체 크로마토그래피-질량분석법(LCMS), 고성능 액체 크로마토그래피(HPLC), BCA 검정, 면역전기영동, 웨스턴 블롯, SDS-PAGE, 단백질 면역침전, PCR 및/또는 원위치 혼성화(ISH)와 같으나 이에 제한되지 않는 당업계에 공지된 다양한 방법을 사용하여 결정될 수 있다. 일부 실시형태에서, 상이한 AAV 캡시드에 전달된 GCase 단백질을 암호화하는 이식유전자는 상이한 CNS 조직에서 상이한 발현 수준을 가질 수 있다.

[1078] 소정의 실시형태에서, GCase 단백질은 웨스턴 블롯에 의해 검출 가능하다.

[1079] 대안적으로, 예를 들어, 전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 국제 공개 제WO2019136484호에 기술되어 있는 바와 같은 방법 및 화합물의 사용을 포함하는 GBA 발현을 검출하는 방법이 공지되어 있다.

[1080] **VII. 키트 및 장치**

[1081] *키트*

[1082] 일부 양태에서, 본 개시내용은 본 개시내용의 방법을 편리하고/하거나 효과적으로 수행하기 위한 다양한 키트를 제공한다. 전형적으로, 키트는 사용자가 대상체(들)의 다중 치료를 수행하고/하거나 다수의 실험을 수행할 수 있도록 하기 위해 충분한 양 및/또는 수의 구성요소를 포함할 것이다.

[1083] 본 개시내용의 임의의 벡터, 작제물 또는 GCase 단백질이 키트에 포함될 수 있다. 일부 실시형태에서, 키트는 시약 및/또는 본 개시내용의 화합물 및/또는 조성물을 생성하고/하거나 합성하기 위한 설명서를 추가로 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 키트는 또한 1종 이상의 완충액을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 키트는 단백질 또는 핵산 어레이 또는 라이브러리를 만들기 위한 구성요소를 포함할 수 있으므로, 예를 들어, 고체 지지체를 포함할 수 있다.

[1084] 일부 실시형태에서, 키트 구성요소는 수성 매질 또는 동결건조된 형태로 패키징될 수 있다. 키트의 용기 수단은

일반적으로 구성요소가 배치되고 적합하게 분취될 수 있는 적어도 하나의 바이알, 테스트 튜브, 플라스크, 보틀, 주사기 또는 기타 용기 수단을 포함할 것이다. 하나 초과의 키트 구성요소(표지 시약 및 라벨은 함께 패키징될 수 있음)가 있는 경우, 키트는 또한 일반적으로 추가적인 구성요소가 별도로 배치될 수 있는 제2, 제3 또는 다른 추가적인 용기를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 키트는 또한 멸균된 약제학적으로 허용 가능한 완충액 및/또는 기타 희석제를 포함하기 위한 제2 용기 수단을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 구성요소의 다양한 조합이 하나 이상의 바이알에 포함될 수 있다. 본 개시내용의 키트는 또한 전형적으로 본 개시내용의 화합물 및/또는 조성물, 예를 들어, 단백질, 핵산, 및 상업적 판매를 위해 엄중히 밀폐된 임의의 다른 시약 용기를 포함하기 위한 수단을 포함할 수 있다. 이러한 용기는 목적하는 바이알이 담기는 주사 또는 사출 성형된 플라스틱 용기를 포함할 수 있다.

[1085] 일부 실시형태에서, 키트 구성요소는 하나 및/또는 그 이상의 액체 용액으로 제공된다. 일부 실시형태에서, 액체 용액은 수용액이며, 특히 멸균 수용액이 사용된다. 일부 실시형태에서, 키트 구성요소는 건조 분말(들)로 제공될 수 있다. 시약 및/또는 성분이 건조 분말로 제공될 때, 이러한 분말은 적합한 부피의 용매의 첨가에 의해 재구성될 수 있다. 일부 실시형태에서, 용매는 또 다른 용기 수단에 제공될 수도 있다는 것이 구상된다. 일부 실시형태에서, 표지 염료는 건조 분말로 제공된다. 일부 실시형태에서, 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120, 120, 130, 140, 150, 160, 170, 180, 190, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000 마이크로그램 또는 적어도 또는 최대 그러한 양의 건조 염료가 본 개시내용의 키트에 제공되는 것으로 상정된다. 이러한 실시형태에서, 그 후 염료는 DMSO와 같은 임의의 적합한 용매에 재현탁될 수 있다.

[1086] 일부 실시형태에서, 키트는 키트 구성요소를 사용하기 위한 설명서와 키트에 포함되지 않은 임의의 다른 시약의 사용을 위한 설명서를 포함할 수 있다. 설명서는 구현될 수 있는 변형을 포함할 수 있다.

[1087] *장치*

[1088] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 화합물 및/또는 조성물은 장치로 배합되거나, 그 위에서 코팅되거나 또는 이에 매립될 수 있다. 장치는 치과 임플란트, 스텐트, 뼈 대체물, 인공 관절, 판막, 피스메이커 및/또는 다른 이식 가능한 치료 장치를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[1089] 본 개시내용은 하나 이상의 GCase 단백질 분자를 암호화하는 바이러스 벡터를 혼입시킬 수 있는 장치를 제공한다. 이러한 장치는 인간 환자와 같은 이를 필요로 하는 대상체에게 즉시 전달될 수 있는 바이러스 벡터를 안정적인 제형으로 포함한다.

[1090] 투여용 장치는 본 명세서에 교시된 단일, 다중- 또는 분할-투여 양생법에 따라 본 개시내용의 GCase 단백질을 암호화하는 바이러스 벡터를 전달하기 위해 사용될 수 있다.

[1091] 세포, 기관 및 조직으로의 다중-투여를 위해 당업계에 공지된 방법 및 장치가 본 개시내용의 실시형태로서 본 명세서에 개시된 방법 및 조성물과 함께 사용하기 위해 상정된다.

[1092] **VIII. 정의**

[1093] 본 명세서의 다양한 위치에서, 본 개시내용의 화합물의 치환기는 그룹 또는 범위로 개시된다. 구체적으로, 본 개시내용은 이러한 그룹 및 범위의 구성원의 각각의 모든 개별 하위 조합을 포함하는 것으로 의도된다. 다음은 용어 정의의 비제한적 목록이다.

[1094] *아데노-관련 바이러스:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "아데노-관련 바이러스" 또는 "AAV"는 디펜도바이러스 속의 구성원 또는 이의 변이체, 예를 들어, 기능적 변이체를 지칭한다. 일부 실시형태에서, AAV는 야생형 또는 자연 발생형이다. 일부 실시형태에서, AAV는 재조합이다.

[1095] *AAV 입자*: 본 명세서에서 사용되는 "AAV 입자"는 AAV 캡시드, 예를 들어, AAV 캡시드 변이체 및 폴리뉴클레오타이드, 예를 들어, 바이러스 게놈 또는 벡터 게놈을 포함하는 입자 또는 비리온을 지칭한다. 일부 실시형태에서, AAV 입자의 바이러스 게놈은 적어도 하나의 페이로드 영역 및 적어도 하나의 ITR을 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 AAV 캡시드 폴리펩타이드, 예를 들어, 적어도 하나의 펩타이드, 예를 들어, 표적화 펩타이드, 삽입체를 갖는 모 캡시드 서열을 포함하는 AAV 입자이다. 일부 실시형태에서, AAV 입자는 페이로드를 암호화하는 핵산, 예를 들어, 페이로드 영역을 세포, 전형적으로, 포유동물, 예를 들어, 인간 세포에 전달할 수 있다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 AAV 입자는 생산된 재조합적으로 생산될 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV 입자는 혈청형의 조합(예를 들어, "슈도타이핑된" AAV)을 포함하여 본 명세서에 기재되거나 또는 당업계에 공지된 임의의 혈청형 또는 다양한 게놈(예를 들어, 단일 가닥 또는 자가-상보적)으로부터 유래될 수

있다. 일부 실시형태에서, AAV 입자는 복제 결함일 수 있고/있거나 표적화될 수 있다. 일부 실시형태에서, AAV 입자는 목적하는 표적 조직에 대한 친화성을 향상시키기 위해 캡시드에 존재, 예를 들어, 삽입된 펩타이드, 예를 들어, 표적화 펩타이드를 포함할 수 있다. 명시적으로 언급하지 않더라도, 본 개시내용의 AAV 입자에 대한 언급은 또한 이의 약제학적 조성물을 포함하는 것으로 이해되어야 한다.

[1096] *활성 성분*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "활성 성분"은 생물학적으로 활성이며 생물학적 효과를 생성하는 역할을 하는 분자 또는 이의 복합체를 지칭한다. 약제학적 조성물 내 활성 성분은 활성 약제학적 성분으로 지칭될 수 있다. 본 개시내용의 목적을 위해, 어구 "활성 성분"은 일반적으로 페이로드를 운반하는 바이러스 입자 또는 본 명세서에 기재된 바와 같은 바이러스 입자에 의해 전달된 페이로드(또는 이의 유전자 산물)를 지칭한다. 대조적으로, "비활성 성분"은 생물학적으로 불활성인 물질을 지칭한다. 부형제는 비활성 성분의 예이다.

[1097] *병용 투여:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "병용 투여" 또는 "조합하여 전달된" 또는 "조합된 투여"는 대상체가 어느 시점에 두 작용제 모두에 노출되도록 하고/하거나 환자에 대한 각 작용제의 효과가 중복되도록 동시에 또는 일정 간격 내에 투여된 2개 이상의 작용제(예를 들어, AAV)에 대한 노출을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 1종 이상의 작용제의 적어도 1회의 용량은 1종 이상의 다른 작용제의 적어도 1회의 용량의 약 24시간, 12시간, 6시간, 3시간, 1시간, 30분, 15분, 10분, 5분 또는 1분 이내에 투여된다. 일부 실시형태에서, 투여는 중복 투여 양생법으로 일어난다. 본 명세서에서 사용되는 용어 "투여 양생법"은 시간적으로 간격을 둔 복수의 투여를 지칭한다. 이러한 투여는 일정한 간격으로 발생할 수 있거나 또는 투여 중 1회 이상의 중단을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 바와 같은 본 개시내용의 하나 이상의 화합물 및/또는 조성물의 개별 용량의 투여는 조합적(예를 들어, 상승적) 효과가 달성되도록 서로 충분히 가깝게 간격을 둔다.

[1098] *개선*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "개선" 또는 "개선하는"은 병태 또는 질환의 적어도 하나의 지표의 중증도를 줄이는 것을 지칭한다. 예를 들어, 신경퇴행성 장애의 맥락에서, 개선은 뉴런 손실의 감소 또는 안정화를 포함한다.

[1099] *동물:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "동물"은 동물계의 임의의 구성원을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 용어 대상체 또는 동물은 발달의 임의의 단계에 있는 인간을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 동물은 발달의 임의의 단계에 있는 비인간 동물을 지칭한다. 소정의 실시형태에서, 비인간 동물은 포유동물(예를 들어, 설치류, 마우스, 래트, 토끼, 원숭이, 개, 고양이, 양, 소, 영장류 또는 돼지)이다. 일부 실시형태에서, 동물은 포유동물, 새, 파충류, 양서류, 어류 및 벌레를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 일부 실시형태에서, 동물은 트랜스제닉 동물, 유전적으로 조작된 동물 또는 클론이다.

[1100] *대략:* 하나 이상의 관심 값에 적용되는 본 명세서에서 사용되는 용어 "대략" 또는 "약"은 명시된 참조 값과 유사한 값을 지칭한다. 소정의 실시형태에서, 용어 "거의" 또는 "약"은 달리 명시되지 않거나 또는 문맥으로부터 달리 명백하지 않는 한(이러한 숫자가 가능한 값의 100%를 초과하는 경우 제외) 명시된 참조 값의 어느 방향으로든(크거나 또는 작음) 25%, 20%, 19%, 18%, 17%, 16%, 15%, 14%, 13%, 12%, 11%, 10%, 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0.5%, 0.25%, 0.1% 이하의 범위에 해당하는 값의 범위를 지칭한다.

[1101] *생물학적으로 활성인*: 본 명세서에서 사용되는 "생물학적으로 활성인"이라는 어구는 생물학적 시스템 및/또는 유기체 내에서 또는 이들 상에서 활성을 갖는 임의의 물질(예를 들어, AAV)의 특성을 지칭한다. 예를 들어, 유기체에게 투여되었을 때 해당 유기체에 생물학적 영향을 미치는 물질이 생물학적으로 활성이 있는 것으로 간주된다. 특정 실시형태에서, 본 개시내용의 화합물 및/또는 조성물은 그 일부가 생물학적으로 활성이 있거나 또는 생물학적으로 관련되는 것으로 간주되는 활성을 모방하는 경우 생물학적으로 활성인 것으로 간주될 수 있다. 일부 실시형태에서, 생물학적 활성은 GCase 단백질 또는 이의 변이체의 발현을 유도하는 것을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 생물학적 활성은 감소된 GCase 단백질 발현 또는 GCase 단백질의 양 및/또는 기능의 결핍과 관련된 질환을 예방 및/또는 치료하는 것을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 생물학적 활성은, 예를 들어, 파킨슨병(PD) 및 고셔병과 루이소체 치매(집합적으로, "GBA-관련 장애")를 포함하는 관련 장애를 포함하는 감소된 GBA 유전자 발현과 관련된 장애를 예방 및/또는 치료하는 것을 지칭한다.

[1102] *생물학적 시스템*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "생물학적 시스템"은 세포막, 세포 구획, 세포, 조직, 기관, 기관계, 다세포 유기체 또는 임의의 생물학적 실체(entity) 내에서 소정의 생물학적 작업을 수행하기 위해 함께 기능하는 기관, 조직, 세포, 세포내 성분, 단백질, 핵산, 분자(생체분자를 포함하지만 이에 제한되지 않음)의 그룹을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 생물학적 시스템은 세포내 및/또는 세포외 세포 신호전달 생체분자를 포함하는 세포 신호전달 경로이다. 일부 실시형태에서, 생물학적 시스템은 세포외/세포 매트릭스 및/또는 세포 틈 내에서의 성장 인자 신호전달 이벤트를 포함한다.

[1103] *캡시드*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "캡시드"는 실질적으로(예를 들어, >50%, >60%, >70%, >80%, >90%, >95%, >99% 또는 100%) 단백질인 바이러스 입자, 예를 들어, AAV 입자의 외부, 예를 들어, 단백질 셸을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 캡시드는 본 명세서에 기재된 AAV 캡시드 단백질, 예를 들어, VP1, VP2 및/또는 VP3 폴리펩타이드를 포함하는 AAV 캡시드이다. AAV 캡시드 단백질은 야생형 AAV 캡시드 단백질 또는 변이체, 예를 들어, 본 명세서에서 "AAV 캡시드 변이체"로 지칭되는 야생형 또는 참조 캡시드 단백질로부터의 구조 및/또는 기능적 변이체일 수 있다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 캡시드 변이체는 바이러스 게놈을 밀봉, 예를 들어, 캡슐화하고/하거나 세포, 예를 들어, 포유동물 세포에 진입할 수 있는 능력을 갖는다. 일부 실시형태에서, 본 명세서에 기재된 AAV 캡시드 변이체는 야생형 AAV 캡시드, 예를 들어, 상응하는 야생형 캡시드와 비교하여 변형된 친화성을 가질 수 있다.

[1104] *중추신경계 또는 CNS:* 본 명세서에서 사용되는 "중추신경계" 또는 "CNS"는 척추동물에서 뇌 및 척수를 포함하는 신경계의 두 가지 세분류 중 하나를 지칭한다. 중추신경계는 전체 신경계의 활동을 조정한다.

[1105] *경추 영역*: 본 명세서에서 사용되는 "경추 영역"은 경추 C1, C2, C3, C4, C5, C6, C7 및 C8을 포함하는 척수의 영역을 지칭한다.

[1106] 시스-요소: 본 명세서에서 사용되는 바와 같이, 시스-요소 또는 동의어 "시스-조절 요소"는 인근 유전자의 전사를 조절하는 논-코딩 DNA의 영역을 지칭한다. 라틴어 접두사 "시스"는 "같은 쪽(on this side)"으로 번역된다. 시스-요소는 유전자 또는 이들이 조절하는 유전자 부근에서 발견된다. 시스-요소의 예는 코작 서열, SV40 인트론 또는 백본의 일부를 포함한다.

[1107] *CNS 조직:* 본 명세서에서 사용되는 "CNS 조직" 또는 "CNS 조직들"은 척추동물에서 뇌와 척수 및 이들의 하위 구조를 포함하는 중추신경계의 조직을 지칭한다.

[1108] *CNS 구조:* 본 명세서에서 사용되는 "CNS 구조"는 중추신경계의 구조 및 이들의 하위 구조를 지칭한다. 척수 내 구조의 비제한적인 예는 전각, 후각, 백질 및 신경계 경로 또는 내부의 핵을 포함할 수 있다. 뇌 내 구조의 비제한적인 예는 앞뇌(forebrain), 중간뇌(midbrain), 마름뇌(hindbrain), 사이뇌(diencephalon), 끝뇌(telencephalon), 숨뇌(myelencephalon), 뒤뇌(metencephalon), 중뇌(mesencephalon), 전뇌(prosencephalon), 후뇌(rhombencephalon), 피질, 전두엽, 두정엽, 측두엽, 후두엽, 대뇌, 시상, 시상하부, 시개(tectum), 피개(tegmentum), 소뇌, 뇌교, 수질, 편도체, 해마, 기저핵, 뇌량, 뇌하수체, 피각, 선조체, 뇌실 및 이들의 하위 구조를 포함한다.

[1109] *CNS 세포:* 본 명세서에서 사용되는 "CNS 세포"는 중추신경계의 세포 및 이들의 하위 구조를 지칭한다. CNS 세포의 비제한적인 예는 뉴런 및 이의 아형, 아교세포, 미세아교세포, 희소돌기아교세포, 뇌실막 세포 및 성상세포를 포함한다. 뉴런의 비제한적인 예는 감각 뉴런, 운동 뉴런, 중간 뉴런, 단극성 세포, 양극성 세포, 다극성 세포, 슈도단극성 세포, 추상 세포, 바구니 세포, 성상 세포, 푸르키네 세포, 베츠 세포, 아마크린 세포, 과립 세포, 난형 세포, 중간 무극 뉴런 및 큰 무극 뉴런을 포함한다.

[1110] *코돈 최적화*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "코돈 최적화"는 유전자에 의해 암호화된 폴리펩타이드 서열이 동일하게 유지되는 반면 변경된 코돈이 폴리펩타이드 서열의 발현 과정을 개선하는 방식으로 주어진 유전자의 코돈을 변경하는 과정을 지칭한다. 예를 들어, 폴리펩타이드가 인간 단백질 서열이고 대장균에서 발현되는 경우, 발현은 대장균에서의 발현에 보다 효과적인 코돈으로 변경하기 위해 DNA 서열 에서 코돈 최적화가 수행되는 경우에 종종 개선될 것이다.

[1111] *보존적 아미노산 치환*: 본 명세서에서 사용되는 "보존적 아미노산 치환"은 아미노산 잔기가 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기로 대체되는 것이다. 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기의 패밀리는 당업계에 정의되어 있다. 이러한 패밀리는 염기성 측쇄(예를 들어, 라이신, 아르기닌, 히스티딘), 산성 측쇄(예를 들어, 아스파르트산, 글루탐산), 하전되지 않은 극성 측쇄(예를 들어, 글리신, 아스파라긴, 글루타민, 세린, 트레오닌, 타이로신, 시스테인), 비극성 측쇄(예를 들어, 알라닌, 발린, 류신, 아이소류신, 프롤린, 페닐알라닌, 메티오닌, 트립토판), 베타-분지형 측쇄(예를 들어, 트레오닌, 발린, 아이소류신) 및 방향족 측쇄(예를 들어, 타이로신, 페닐알라닌, 트립토판, 히스티딘)를 갖는 아미노산을 포함한다.

[1112] *보존된*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "보존된"은 비교되는 2개 이상의 서열의 동일한 위치에서 변경되지 않고 발생하는 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드 서열 각각의 뉴클레오타이드 또는 아미노산 잔기를 지칭한다. 상대적으로 보존된 뉴클레오타이드 또는 아미노산은 서열의 다른 곳에서 나타나는 뉴클레오타이드 또는 아미노산보다 더 관련된 서열 사이에서 보존된 것이다.

[1113] 일부 실시형태에서, 2개 이상의 서열은 서로 100% 동일한 경우 "완전히 보존된" 것이라고 한다. 일부 실시형태에서, 2개 이상의 서열은 서로 적어도 70% 동일, 적어도 80% 동일, 적어도 90% 동일 또는 적어도 95% 동일한 경우 "고도로 보존된" 것이라고 한다. 일부 실시형태에서, 2개 이상의 서열은 서로 약 70% 동일, 약 80% 동일, 약 90% 동일, 약 95%, 약 98% 또는 약 99% 동일한 경우 "고도로 보존된" 것이라고 한다. 일부 실시형태에서, 2개 이상의 서열은 서로 적어도 30% 동일, 적어도 40% 동일, 적어도 50% 동일, 적어도 60% 동일, 적어도 70% 동일, 적어도 80% 동일, 적어도 90% 동일 또는 적어도 95% 동일한 경우 "보존된" 것이라고 한다. 일부 실시형태에서, 2개 이상의 서열은 서로 약 30% 동일, 약 40% 동일, 약 50% 동일, 약 60% 동일, 약 70% 동일, 약 80% 동일, 약 90% 동일, 약 95% 동일, 약 98% 동일 또는 약 99% 동일한 경우 "보존된" 것이라고 한다. 서열의 보존은 올리고뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드의 전체 길이에 적용될 수 있거나 또는 이의 부분, 영역 또는 특징에 적용될 수 있다.

[1114] 일부 실시형태에서, 보존된 서열은 연속적이지 않다. 당업자라면 연속적인 정렬의 갭이 서열 사이에 존재할 때 정렬을 달성하는 방법 및 삽입 또는 결실이 존재함에도 불구하고 상응하는 잔기를 정렬하는 방법을 알 수 있다.

[1115] *전달:* 본 명세서에서 사용되는 "전달"은 파보바이러스, 예를 들어, AAV 화합물, 물질, 실체, 모이어티, 카고 또는 페이로드를 표적으로 전달하는 행위 또는 방식을 지칭한다. 이러한 표적은 세포, 조직, 기관, 유기체 또는 시스템(생물학적이든 또는 생산적이든)일 수 있다.

[1116] *전달제*: 본 명세서에서 사용되는 "전달제"는 적어도 부분적으로 하나 이상의 물질(본 개시내용의 화합물 및/또는 조성물, 예를 들어, 바이러스 입자 또는 AAV 벡터를 포함하지만 이에 제한되지 않음)의 표적화된 세포로의 전달을 용이하게 하는 임의의 작용제를 지칭한다.

[1117] *전달 경로*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "전달 경로" 및 동의어 "투여 경로"는 대상체에게 치료제를 제공하기 위한 임의의 상이한 방법을 지칭한다. 투여 경로는 일반적으로 물질이 적용되는 위치에 따라 분류되며, 또한 작용 대상이 어디에 있는지에 따라 분류될 수 있다. 예는 다음을 포함하지만 이에 제한되지 않는다: 정맥내 투여, 피하 투여, 경구 투여, 비경구 투여, 장관 투여, 국소 투여, 설하 투여, 흡입 투여 및 주사 투여 또는 본 명세서에 기재된 기타 투여 경로.

[1118] 유도체*:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "유도체"는 모 조성물로부터 유래되거나 또는 모 조성물에서 그 기초를 찾는 조성물(예를 들어, 서열, 화합물, 제형 등)을 지칭한다. 모 조성물의 비제한적인 예는 야생형 또는 원래의 아미노산 또는 핵산 서열, 또는 희석되지 않은 제형을 포함한다. 일부 실시형태에서, 유도체는 모 조성물의 변이체이다. 유도체는 모 조성물과 약 1% 미만, 약 5% 미만, 약 10% 미만, 약 15% 미만, 약 20% 미만, 약 25% 미만, 약 30% 미만, 약 35% 미만, 약 40% 미만, 약 45% 미만 또는 약 50% 미만만큼 상이할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 유도체는 모 조성물과 약 50% 초과하여 상이할 수 있다. 소정의 실시형태에서, 유도체는 모 조성물과 약 75% 초과하여 상이할 수 있다. 일부 실시형태에서, 유도체는 모 아미노산 또는 뉴클레오타이드 서열의 단편 또는 절단체일 수 있다. 비제한적인 예로서, 유도체는 모 핵산 또는 아미노산 서열(예를 들어, AAV9와 비교하여 AAVPHP.B)과 비교하여 뉴클레오타이드 또는 펩타이드 삽입체를 갖는 서열일 수 있다.

[1119] *유효량:* 본 명세서에서 사용되는 용어 작용제의 "유효량"은, 예를 들어, 대상체 또는 세포에 단일 또는 다중 용량 투여 시 장애의 하나 이상의 증상을 치료, 완화, 경감 또는 개선하는 데 있어서 유익하거나 또는 목적하는 결과를 달성하기에 충분한 양이며, 따라서 "유효량"은 적용되는 상황에 따라 다르다. 예를 들어, 파킨슨병(PD) 및 고셔병과 루이소체 치매(집합적으로, "GBA-관련 장애")를 포함하는 관련 장애를 치료하는 작용제를 투여하는 맥락에서, 작용제의 유효량은, 예를 들어, 작용제의 투여 없이 얻은 반응과 비교하여 본 명세서에 정의된 바와 같이 GBA-관련 장애의 치료를 달성하기에 충분한 양이다.

[1120] *조작된:* 본 명세서에서 사용되는 바와 같이, 본 개시내용의 실시형태는 구조적이든 또는 화학적이든 출발점, 야생형 또는 천연 분자로부터 변하는 특징 또는 특성을 갖도록 설계될 때 "조작된" 것이다. 따라서, 조작된 작용제 또는 실체는 설계 및/또는 생산에 사람의 손으로 하는 행위를 포함한다.

[1121] *발현:* 본 명세서에서 사용되는 핵산 서열의 "발현"은 다음 이벤트 중 하나 이상을 지칭한다: (1) DNA 서열로부터 RNA 주형의 생산(예를 들어, 전사에 의해); (2) RNA 전사체의 처리(예를 들어, 스플라이싱, 편집, 5' 캡 형성 및/또는 3' 말단 처리에 의해); (3) RNA의 폴리펩타이드 또는 단백질로의 번역; (4) 폴리펩타이드 또는 단백질의 접힘; 및/또는(5) 폴리펩타이드 또는 단백질의 번역 후 변형.

[1122] *부형제:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "부형제"는 활성 약제 또는 다른 활성 물질에 대한 비히클 또는 매질 역할을 하는 비활성 물질을 지칭한다.

[1123] *제형:* 본 명세서에서 사용되는 "제형"은 적어도 본 개시내용의 화합물 및/또는 조성물(예를 들어, 벡터, AAV 입자 등) 및 전달제를 포함한다.

[1124] *단편:* 본 명세서에서 사용되는 "단편"은 전체의 연속적인 부분을 지칭한다. 예를 들어, 단백질의 단평은 배양된 세포로부터 단리된 전장 단백질을 소화시킴으로써 얻은 폴리펩타이드를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 단백질의 단편은 적어도 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개, 55개, 60개, 65개, 70개, 75개, 80개, 85개, 90개, 95개, 100개, 150개, 200개, 250개 이상의 아미노산을 포함한다. 단편은 또한 단백질의 절단(예를 들어, N-말단 및/또는 C-말단 절단) 또는 핵산의 절단(예를 들어, 5' 말단 및/또는 3' 말단에서)을 지칭할 수 있다. 단백질 단편은 핵산이 전장 단백질의 일부를 암호화하도록 절단된 핵산의 발현에 의해 얻어질 수 있다.

[1125] *GBA-관련 장애*: 용어 "GBA-관련 장애", "GBA-관련 질환", "GBA 환자" 등은 환자 세포에서 결핍 또는 결함 GCase 단백질 발현을 초래하는 GBA의 유전성, 예를 들어, 상염색체 열성 돌연변이와 같은 GBA 유전자의 결핍을 갖는 질환 또는 장애를 지칭한다. GBA-관련 장애는 명백하게 파킨슨병(PD), 고셔병 및 루이소체 치매를 포함하지만 이에 제한되지 않으며; 추가적인 루이소체 장애, 라이소솜 축적 장애 및 관련 장애를 포함할 수 있다. GBA 환자는 GBA-관련 장애에 더 취약하게 만드는, 예를 들어, 이중대립유전자 돌연변이를 포함하는 GBA 유전자에 하나 이상의 돌연변이를 보유하는 개체이다.

[1126] *GCase 단백질*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "GCase", "GCase 단백질", "GCase 단백질들" 등은 GBA 유전자(앙상블 유전자 ID: ENSG00000177628)의 펩타이드, 이의 상동체 또는 변이체, 및 비인간 단백질 및 이의 상동체를 포함하는 이의 오쏘로그를 포함하는 단백질 생성물 또는 단백질 생성물의 일부를 지칭한다. GCase 단백질은 GBA 유전자 산물의 단편, 유도체 및 변형을 포함한다.

[1127] *유전자 발현*: 용어 "유전자 발현"은 핵산 서열이 성공적인 전사 및 대부분의 경우 번역을 거쳐 단백질 또는 펩타이드를 생산하는 과정을 지칭한다. 명료함을 위해, "유전자 발현"의 측정이 언급될 때, 이는 측정이 전사의 핵산 산물, 예를 들어, RNA 또는 mRNA 또는 번역의 아미노산 산물, 예를 들어, 폴리펩타이드 또는 펩타이드의 측정일 수 있음을 의미하는 것으로 이해되어야 한다. RNA, mRNA, 폴리펩타이드 및 펩타이드의 양 또는 수준을 측정하는 방법은 당업계에 잘 알려져 있다.

[1128] 상동성: 본 명세서에서 사용되는 용어 "상동성"은 중합체 분자 사이, 예를 들어, 핵산 분자(예를 들어, DNA 분자 및/또는 RNA 분자) 사이 및/또는 폴리펩타이드 분자 사이의 전반적인 관련성을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 중합체 분자는 서열이 적어도 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99% 동일하거나 또는 유사한 경우 서로 "상동성"인 것으로 간주된다. 용어 "상동성"은 필연적으로 적어도 2개의 서열(폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드 서열) 사이의 비교를 지칭한다. 본 개시내용에 따르면, 2개의 폴리뉴클레오타이드 서열은 이들이 암호화하는 폴리펩타이드가 적어도 약 20개의 아미노산의 적어도 하나의 신장부(stretch)에 대해 적어도 약 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 심지어 99% 동일한 경우 상동성인 것으로 간주된다. 일부 실시형태에서, 상동성 폴리뉴클레오타이드 서열은 적어도 4개 내지 5개의 고유하게 지정된 아미노산의 신장부를 암호화하는 능력을 특징으로 한다. 60개 미만의 뉴클레오타이드 길이의 폴리뉴클레오타이드 서열의 경우, 상동성은 전형적으로 적어도 4개 내지 5개의 고유하게 지정된 아미노산의 신장부를 암호화하는 능력에 의해 결정된다. 본 개시내용에 따르면, 2개의 단백질 서열은 단백질이 적어도 약 20개의 아미노산의 적어도 하나의 신장부에 대해 적어도 약 50%, 60%, 70%, 80% 또는 90% 동일한 경우 상동성인 것으로 간주된다. 많은 실시형태에서, 상동성 단백질은 적어도 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개, 50개 이상의 아미노산의 적어도 하나의 짧은 신장부에 걸쳐 큰 전체 상동성 정도 및 높은 상동성 정도를 보일 수 있다. 많은 실시형태에서, 상동성 단백질은 하나 이상의 특징적인 서열 요소를 공유한다. 본 명세서에서 사용되는 용어 "특징적인 서열 요소"는 관련 단백질에 존재하는 모티프를 지칭한다. 일부 실시형태에서, 이러한 모티프의 존재는 특정 활성(예컨대, 생물학적 활성)과 상관관계가 있다.

[1129] *인간화된:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "인간화된"은 상응하는 인간 서열과의 유사성을 증가시키기 위해 변경된 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드의 비인간 서열을 지칭한다.

[1130] *동일성*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "동일성"은 중합체 분자 사이, 예를 들어, 올리고뉴클레오타이드 분자(예를 들어, DNA 분자 및/또는 RNA 분자) 사이 및/또는 폴리펩타이드 분자 사이의 전반적인 관련성을 지칭한다. 예를 들어, 2개의 폴리뉴클레오타이드 서열의 퍼센트 동일성의 계산은 최적의 비교 목적을 위해 2개이 서열을 정렬함으로써 수행될 수 있다(예를 들어, 갭은 최적의 정렬을 위해 제1 핵산 및 제2 핵산 서열 중 하나 또는 둘

다에 도입될 수 있고, 동일하지 않은 서열은 비교 목적을 위해 무시할 수 있음). 소정의 실시형태에서, 비교 목적을 위해 정렬된 서열의 길이는 참조 서열의 길이의 적어도 30%, 적어도 40%, 적어도 50%, 적어도 60%, 적어도 70%, 적어도 80%, 적어도 90%, 적어도 95% 또는 100%이다. 그런 다음, 상응하는 뉴클레오타이드 위치의 뉴클레오타이드가 비교된다. 제1 서열의 위치가 제2 서열의 상응하는 위치와 동일한 뉴클레오타이드에 의해 점유되면, 분자는 해당 위치에서 동일하다. 2개의 서열 사이의 퍼센트 동일성은 갭의 수 및 각 갭의 길이를 고려하여 서열에 의해 공유되는 동일한 위치의 수의 함수이며, 이는 2개의 서열의 최적의 정렬을 위해 도입될 필요가 있다. 서열의 비교 및 2개의 서열 사이의 퍼센트 동일성의 결정은 수학적 알고리즘을 사용하여 달성될 수 있다. 예를 들어, 2개의 뉴클레오타이드 서열 사이의 퍼센트 동일성은 각각 전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Computational Molecular Biology, Lesk, A. M., ed., Oxford University Press, New York, 1988; Biocomputing: Informatics and Genome Projects, Smith, D. W., ed., Academic Press, New York, 1993; Sequence Analysis in Molecular Biology, von Heinje, G., Academic Press, 1987; Computer Analysis of Sequence Data, Part I, Griffin, A. M., and Griffin, H. G., eds., Humana Press, New Jersey, 1994; 및 Sequence Analysis Primer, Gribskov, M. and Devereux, J., eds., M Stockton Press, New York, 1991]에 기술되어 있는 것들과 같은 방법을 사용하여 결정될 수 있다. 예를 들어, 2개의 뉴클레오타이드 서열 사이의 퍼센트 동일성은, 예를 들어, PAM120 중량 잔기 표, 12의 갭 길이 패널티 및 4의 갭 패널티를 사용하는 ALIGN 프로그램(버전 2.0)에 통합된 문헌[Meyers and Miller (CABIOS, 1989, 4:11-17)]의 알고리즘을 사용하여 결정될 수 있다. 2개의 뉴클레오타이드 서열 사이의 퍼센트 동일성은 대안적으로 NWSgapdna.CMP 행렬을 사용하는 GCG 소프트웨어 패키지의 갭 프로그램을 사용하여 결정될 수 있다. 서열 사이의 퍼센트 동일성을 결정하기 위해 일반적으로 사용되는 방법은 전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Carillo, H., and Lipman, D., SIAM J Applied Math., 48:1073 (1988)]에 개시되어 있는 것들을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 동일성을 결정하는 기법은 공개적으로 이용 가능한 컴퓨터 프로그램에 체계화되어(codified) 있다. 2개의 서열 사이의 상동성을 결정하기 위한 컴퓨터 소프트웨어는 GCG 프로그램 패키지(Devereux, J., *et al.*, *Nucleic Acids Research*, 12(1), 387 (1984)), BLASTP, BLASTN 및 FASTA(Altschul, S. F. *et al.*, *J. Molecular Biol.*, 215, 403 (1990))를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[1131] *단리된*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "단리된"은 자연 상태에서 변경되거나 또는 제거된, 예를 들어, 자연 상태에서 관련된 성분의 적어도 일부로부터 변경되거나 또는 제거된 물질 또는 실체를 지칭한다. 예를 들어, 살아 있는 동물에 자연적으로 존재하는 핵산 또는 펩타이드는 "단리된" 것이 아니지만, 이의 자연 상태의 공존하는 물질로부터 부분적으로 또는 완전히 분리된 동일한 핵산 또는 펩타이드는 "단리된" 것이다. 단리된 핵산 또는 단백질은 실질적으로 정제된 형태로 존재할 수 있거나 또는, 예를 들어, 숙주 세포와 같은 비천연 환경에 존재할 수 있다. 이러한 폴리뉴클레오타이드는 벡터의 일부일 수 있고/있거나 이러한 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드는 조성물의 일부일 수 있으며, 이러한 벡터 또는 조성물이 자연에서 발견되는 환경의 일부가 아니라는 점에서 여전히 단리된 것일 수 있다. 일부 실시형태에서, 단리된 핵산은 재조합, 예를 들어, 벡터에 혼입된다.

[1132] *요추 영역*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "요추 영역"은 요추 L1, L2, L3, L4 및 L5를 포함하는 척수의 영역을 지칭한다.

[1133] *miR 결합 부위 시리즈:* 본 명세서에서 사용되는 "miR 결합 부위 시리즈" 또는 "miR 결합 부위"는 AAV 벡터 게놈을 전사함으로써 생성된 RNA 전사체 상의 RNA 서열을 포함한다. "miR 결합 부위 시리즈" 또는 "miR 결합 부위"는 또한 DNA의 T와 RNA의 U만이 다르다는 점에서 RNA 서열에 상응하는 DNA 서열을 포함한다. 이러한 DNA의 역상보체는 RNA 서열에 대한 코딩 서열이다. 즉, 일부 실시형태에서, DNA 양성 가닥을 포함하는 발현 카세트에서, miR 결합 부위 서열은 그것이 결합하는 miRNA의 역 상보체이다.

[1134] *변형된:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "변형된"은 모 또는 참조 분자 또는 실체와 비교하여 분자 또는 실체의 변화된 상태 또는 구조를 지칭한다. 분자는 화학적, 구조적 및 기능적을 포함하는 다양한 방식으로 변형될 수 있다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 화합물 및/또는 조성물은 비천연 아미노산 또는 비천연 뉴클레오타이드의 도입에 의해 변형된다.

[1135] *돌연변이*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "돌연변이"는 변화 및/또는 변경을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 돌연변이는 단백질(펩타이드 및 폴리펩타이드 포함) 및/또는 핵산(다중 핵산 포함)에 대한 변화 및/또는 변경일 수 있다. 일부 실시형태에서, 돌연변이는 단백질 및/또는 핵산 서열에 대한 변화 및/또는 변경을 포함한다. 이러한 변화 및/또는 변경 하나 이상의 아미노산(단백질 및/또는 펩타이드의 경우) 및/또는 뉴클레오타이드(핵산 및 또는 다중 핵산의 경우)의 추가, 치환 및 또는 결실을 포함할 수 있다. 돌연변이가 아미노산 및/또는 뉴클레오타이드의 추가 및/또는 치환을 포함하는 실시형태에서, 이러한 추가 및/또는 치환은 하나 이상의 아미노산 및/또

는 뉴클레오타이드 잔기를 포함할 수 있으며, 변형된 아미노산 및/또는 뉴클레오타이드를 포함할 수 있다. 하나 이상의 돌연변이는, 예를 들어, 핵산 서열 또는 폴리펩타이드 또는 단백질 서열의 "돌연변이체", "유도체" 또는 "변이체"를 생성할 수 있다.

[1136] *자연 발생적:* 본 명세서에서 사용되는 "자연 발생적" 또는 "야생형"은 인공적인 도움이나 또는 사람의 손이 관여하지 않고 자연에 존재하는 것을 의미한다. "자연 발생적" 또는 "야생형"은 생체분자, 서열 또는 실체의 천연 형태를 지칭할 수 있다.

[1137] *비인간 척추동물:* 본 명세서에서 사용되는 "비인간 척추동물"은 야생 및 가축 종을 포함하는 호모 사피엔스를 제외한 모든 척추동물을 포함한다. 비인간 척추동물의 예는 포유동물, 예컨대, 알파카, 반텡, 바이슨, 낙타, 고양이, 소, 사슴, 개, 당나귀, 가얄, 염소, 기니피그, 말, 라마, 노새, 돼지, 토끼, 순록, 양, 물소 및 야크를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[1138] *핵산:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "핵산", "폴리뉴클레오타이드" 및 "올리고뉴클레오타이드"는 폴리데옥시리보뉴클레오타이드(2-데옥시-D-리보스 포함), 또는 폴리리보뉴클레오타이드(D-리보스 포함), 또는 퓨린 또는 피리미딘 염기, 또는 변형된 퓨린 또는 피리미딘 염기의 N 글리코시드인 임의의 다른 유형으로 구성된 임의의 핵산 중합체를 지칭한다. 용어 "핵산", "폴리뉴클레오타이드", 및 "올리고뉴클레오타이드" 사이에 의도적인 길이의 구별은 없으며, 이들 용어는 상호교환적으로 사용될 것이다. 이들 용어는 분자의 기본 구조만을 지칭한다. 따라서, 이들 용어는 이중-가닥 및 단일-가닥 DNA뿐만 아니라 이중-가닥 및 단일-가닥 RNA도 포함한다.

[1139] *작동 가능하게 연결된:* 본 명세서에서 사용되는 바와 같이, "작동 가능하게 연결된"이라는 어구는 2개 이상의 분자, 작제물, 전사체, 실체, 모이어티 등 사이의 기능적 연결을 지칭한다.

[1140] *입자:* 본 명세서에서 사용되는 "입자"는 적어도 2개의 성분, 단백질 캡시드 및 캡시드 내에 밀봉되는 폴리뉴클레오타이드 서열로 구성된 바이러스이다.

[1141] *환자:* 본 명세서에서 사용되는 "환자"는 치료를 원하거나 또는 이를 필요로 할 수 있는 대상체, 치료를 받고 있는 대상체, 치료를 받을 대상체 또는 특정 질환 또는 병태에 대해 훈련된(예를 들어, 면허가 있는) 전문가의 관리를 받고 있는 대상체를 지칭한다.

[1142] *페이로드*: 본 명세서에서 사용되는 "페이로드" 또는 "페이로드 영역"은 바이러스 게놈에 의해 또는 이의 내부에 암호화된 하나 이상의 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 영역, 또는 이러한 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 영역의 발현 산물, 예를 들어, 이식유전자, 폴리펩타이드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드를 지칭한다.

[1143] *페이로드 작제물*: 본 명세서에서 사용되는 "페이로드 작제물"은 역 말단 반복(ITR) 서열에 의해 한쪽 또는 양쪽의 측면에 있는 페이로드를 암호화하거나 또는 포함하는 하나 이상의 폴리뉴클레오타이드 영역이다. 페이로드 작제물은 바이러스 게놈을 생산하기 위해 바이러스 생산 세포에서 복제되는 주형이다.

[1144] *페이로드 작제물 벡터*: 본 명세서에서 사용되는 "페이로드 작제물 벡터"는 세균 세포에서 복제 및 발현을 위한 페이로드 작제물 및 조절 영역을 암호화하거나 또는 포함하는 벡터이다. 페이로드 작제물 벡터는 또한 바이러스 복제 세포에서 바이러스 발현을 위한 성분을 포함할 수 있다.

[1145] *펩타이드:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "펩타이드"는 약 50개 이하의 아미노산 길이, 예를 들어, 약 5개, 10개, 15개, 20개, 25개, 30개, 35개, 40개, 45개 또는 50개의 아미노산 길이인 아미노산의 사슬을 지칭한다.

[1146] *약제학적으로 허용 가능한*: "약제학적으로 허용 가능한"이라는 어구는 타당한 의학적 판단의 범위 내에서, 과도한 독성, 자극, 알레르기 반응 또는 합리적인 이익/위험 비에 상응하는 기타 문제 또는 합병증 없이 인간 및 동물의 조직과 접촉하여 사용하기에 적합한 화합물, 물질, 조성물 및/또는 투여 형태를 지칭하기 위해 본 명세서에서 사용된다.

[1147] *약제학적으로 허용 가능한 부형제:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "약제학적으로 허용 가능한 부형제"는 본 명세서에서 사용되는 바와 같이 약제학적 조성물에 존재하고 대상체에서 실질적으로 비독성이며 비염증성인 특성을 갖는 활성제(예를 들어, 본 명세서에 기재된 바와 같은) 이외의 임의의 성분을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 약제학적으로 허용 가능한 부형제는 활성제를 현탁시키고/시키거나 용해할 수 있는 비히클이다. 부형제는, 예를 들어, 부착 방지제, 항산화제, 결합제, 코팅제, 압축 보조제, 붕해제, 염료(색소), 연화제, 유화제, 필러(희석제), 필름 형성제 또는 코팅제, 향료, 방향제, 활택제(흐름 향상제), 윤활제, 보존제, 인쇄 잉크, 흡착제, 현탁제 또는 분산제, 감미제 및 수화수를 포함할 수 있다. 부형제는 다음을 포함하지만 이에 제한되지 않는다: 뷰틸

화된 하이드록시톨루엔(BHT), 칼슘 카보네이트, 칼슘 포스페이트(이염기성), 칼슘 스테아레이트, 크로스카멜로스, 가교 폴리바이닐 피롤리돈, 시트르산, 크로스포비돈, 시스테인, 에틸셀룰로스, 젤라틴, 하이드록시프로필셀룰로스, 하이드록시프로필 메틸셀룰로스, 락토스, 마그네슘 스테아레이트, 말티톨, 만니톨, 메티오닌, 메틸셀룰로스, 메틸 파라벤, 미세결정질 셀룰로스, 폴리에틸렌 글리콜, 폴리바이닐 피롤리돈, 포비돈, 전호화 전분, 프로필 파라벤, 레티닐 팔미테이트, 셀락, 실리콘 다이옥사이드, 소듐 카복시메틸 셀룰로스, 소듐 시트레이트, 소듐 전분 글리콜레이트, 소르비톨, 전분(옥수수), 스테아르산, 수크로스, 활석, 타이타늄 다이옥사이드, 바이타민 A, 바이타민 E, 바이타민 C 및/또는 자일리톨.

[1148] *약제학적으로 허용 가능한 염*: 본 명세서에 기재된 화합물의 약제학적으로 허용 가능한 염은 산 또는 염기 모이어티가 이의 염 형태(예를 들어, 유리 염기 그룹을 적합한 유기산과 반응시킴으로써 생성된 바와 같은 것)인 개시된 화합물의 형태이다. 약제학적으로 허용 가능한 염의 예는 아민과 같은 염기성 잔기의 무기염 또는 유기산염; 카복실산과 같은 산성 잔기의 알칼리염 또는 유기염; 등을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 대표적인 산부가염은 아세테이트, 아디페이트, 알지네이트, 아스코르베이트, 아스파테이트, 벤젠설포네이트, 벤조에이트, 바이설페이트, 보레이트, 뷰티레이트, 캄포레이트, 캄포설포네이트, 시트레이트, 사이클로펜테인프로피오네이트, 다이글루코네이트, 도데실설페이트, 에테인설포네이트, 퓨마레이트, 글루코헵토네이트, 글리세로포스페이트, 헤미설페이트, 헵토네이트, 헥사노에이트, 하이드로브로마이드, 하이드로클로라이드, 하이드로아이오다이드, 2-하이드록시-에테인설포네이트, 락토바이오네이트, 락테이트, 라우레이트, 라우릴설페이트, 말레이트, 말리에이트, 말로네이트, 메테인설포네이트, 2-나프탈렌설포네이트, 나이코티네이트, 나이트레이트, 올리에이트, 옥살레이트, 팔미테이트, 파모에이트, 펙티네이트, 퍼설페이트, 3-페닐프로피오네이트, 포스페이트, 피크레이트, 피발레이트, 프로피오네이트, 스테아레이트, 석시네이트, 설페이트, 타트레이트, 티오사이아네이트, 톨루엔설포네이트, 운데카노에이트, 발레에이트 염 등을 포함한다. 대표적인 알칼리 또는 알칼리토금속 염은 소듐, 리튬, 포타슘, 칼슘, 마그네슘 등뿐만 아니라 암모늄, 테트라메틸암모늄, 테트라에틸암모늄, 메틸아민, 다이메틸아민, 트라이메틸아민, 트라이에틸아민, 에틸아민 등을 포함하지만 이에 제한되지 않는 비독성 암모늄, 4차 암모늄 및 아민 양이온을 포함한다. 약제학적으로 허용 가능한 염은, 예를 들어, 비독성 무기산 또는 유기산으로부터의 종래의 비독성 염을 포함한다. 일부 실시형태에서, 약제학적으로 허용 가능한 염은 종래의 화학적 방법에 의해 염기성 또는 산성 모이어티를 포함하는 모 화합물로부터 제조된다. 일반적으로, 이러한 염은 이들 화합물의 유리 산 또는 염기 형태를 물 또는 유기 용매 또는 둘의 혼합물에서 화학량론적 양의 적절한 염기 또는 산과 반응시킴으로써 제조될 수 있으며; 일반적으로, 에터, 에틸 아세테이트, 에탄올, 아이소프로판올 또는 아세토나이트릴과 같은 비수성 매질이 사용된다. 적합한 염의 목록은 각각의 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[*Remington's Pharmaceutical Sciences*, 17th ed., Mack Publishing Company, Easton, Pa., 1985, p. 1418, *Pharmaceutical Salts: Properties, Selection, and Use*, P.H. Stahl and C.G. Wermuth (eds.), Wiley-VCH, 2008, 및 Berge *et al.*, *Journal of Pharmaceutical Science*, 66, 1-19 (1977)]에서 찾을 수 있다.

[1149] *약제학적 조성물:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "약제학적 조성물" 또는 약제학적으로 허용 가능한 조성물"은 AAV 폴리뉴클레오타이드, AAV 게놈 또는 AAV 입자 및 하나 이상의 약제학적으로 허용 가능한 부형제, 용매, 보조제 등을 포함한다.

[1150] *폴리펩타이드:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "폴리펩타이드"는 사슬에 함께 결합된 다수의 아미노-산 잔기로 이루어진 유기 중합체를 지칭한다. 단량체 단백질 분자는 폴리펩타이드이다.

[1151] *예방하는*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "예방하는"은 감염, 질환, 장애 및/또는 병태의 발병을 부분적으로 또는 완전히 지연시키고; 특정 감염, 질환, 장애 및/또는 병태의 하나 이상의 증상, 특징 또는 임상적 징후의 발병을 부분적으로 또는 완전히 지연시키고; 특정 감염, 질환, 장애 및/또는 병태의 하나 이상의 증상, 특징 또는 징후의 발병을 부분적으로 또는 완전히 지연시키고; 감염, 특정 질환, 장애 및/또는 병태로부터의 진행을 부분적으로 또는 완전히 지연시키고; 그리고/또는 감염, 질환, 장애 및/또는 병태와 관련된 병리 발생의 위험을 감소시키는 것을 지칭한다.

[1152] *프로모터:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "프로모터"는 전사(DNA에서 RNA로) 또는 역 전사(RNA에서 DNA로)를 개시하기 위해 폴리머레이스 효소가 결합할 핵산 부위를 지칭한다.

[1153] *관심 단백질:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "관심 단백질" 또는 "목적하는 단백질"은 본 명세서에 제공된 것들 및 이의 단편, 돌연변이체, 변이체 또는 변경을 포함한다.

[1154] *정제된:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "정제하다"는 하나 이상의 원치 않는 성분, 재료 오염, 혼합 또는 결함

(imperfection)으로부터 실질적으로 순수하거나 또는 깨끗하게 만드는 것을 의미한다. "정제된"은 순수한 상태를 지칭한다. "정제"는 순수하게 만드는 과정을 지칭한다. 본 명세서에서 사용되는 바와 같이, 물질은 하나 이상의 성분, 예를 들어, 자연 환경에서 발견된 하나 이상의 성분이 실질적으로 없는(이로부터 실질적으로 단리된) 경우 "순수"하다.

[1155] *영역:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "영역"은 구역 또는 일반적인 영역을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 단백질 또는 단백질 모듈을 언급할 때, 영역은 단백질 또는 단백질 모듈을 따라 선형 아미노산의 서열을 포함할 수 있거나 또는 3차원 영역, 에피토프 및/또는 에피토프의 클러스터를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 영역은 말단 영역을 포함한다. 본 명세서에서 사용되는 용어 "말단 영역"은 주어진 작용제의 말단(end 또는 termini)에 위치한 영역을 지칭한다. 단백질을 언급할 때, 말단 영역은 N-말단 및/또는 C-말단을 포함할 수 있다. N-말단은 유리 아미노기를 갖는 아미노산을 포함하는 단백질의 말단을 지칭한다. C-말단은 유리 카복실기를 갖는 아미노산을 포함하는 단백질의 말단을 지칭한다. N-말단 및/또는 C-말단 영역은 N-말단 및/또는 C-말단뿐만 아니라 주변 아미노산을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, N-말단 및/또는 C-말단 영역은 약 3개의 아미노산 내지 약 30개의 아미노산, 약 5개의 아미노산 내지 약 40개의 아미노산, 약 10개의 아미노산 내지 약 50개의 아미노산, 약 20개의 아미노산 내지 약 100개의 아미노산 및/또는 적어도 100개의 아미노산을 포함한다. 일부 실시형태에서, N-말단 영역은 N-말단을 포함하지만 C-말단은 포함하지 않는 임의의 길이의 아미노산을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, C-말단 영역은 C-말단을 포함하지만 N-말단은 포함하지 않는 임의의 길이의 아미노산을 포함할 수 있다.

[1156] 일부 실시형태에서, 폴리뉴클레오타이드를 언급할 때, 영역은 폴리뉴클레오타이드를 따라 핵산의 선형 서열을 포함할 수 있거나 또는 3차원 영역, 2차 구조 또는 3차 구조를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 영역은 말단 영역을 포함한다. 본 명세서에서 사용되는 용어 "말단 영역"은 주어진 작용제의 말단에 위치한 영역을 지칭한다. 폴리뉴클레오타이드를 언급할 때, 말단 영역은 5' 및 3' 말단을 포함할 수 있다. 5' 말단은 유리 포스페이트기를 갖는 핵산을 포함하는 폴리뉴클레오타이드의 말단을 지칭한다. 3' 말단은 유리 하이드록실기를 갖는 핵산을 포함하는 폴리뉴클레오타이드의 말단을 지칭한다. 5' 및 3' 영역은 5' 및 3' 말단뿐만 아니라 주변 핵산을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 5' 및 3' 말단 영역은 약 9개의 핵산 내지 약 90개의 핵산, 약 15개의 핵산 내지 약 120개의 핵산, 약 30개의 핵산 내지 약 150개의 핵산, 약 60개의 핵산 내지 약 300개의 핵산 및/또는 적어도 300개의 핵산을 포함한다. 일부 실시형태에서, 5' 영역은 5' 말단을 포함하지만 3' 말단은 포함하지 않는 임의의 길이의 핵산을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 3' 영역은 3' 말단을 포함하지만 5' 말단은 포함하지 않는 임의의 길이의 핵산을 포함할 수 있다.

[1157] *RNA 또는 RNA 분자*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "RNA", 또는 "RNA 분자" 또는 "리보핵산 분자"는 리보뉴클레오타이드의 중합체를 지칭하고; 용어 "DNA", 또는 "DNA 분자" 또는 "데옥시리보핵산 분자"는 데옥시리보뉴클레오타이드의 중합체를 지칭한다. DNA 및 RNA는, 예를 들어, 각각 DNA 복제 및 DNA의 전사에 의해 자연적으로 합성될 수 있거나; 화학적으로 합성될 수 있다. DNA 및 RNA는 단일-가닥(즉, 각각 ssRNA 또는 ssDNA) 또는 다중-가닥(예를 들어, 이중 가닥, 즉, 각각 dsRNA 및 dsDNA)일 수 있다. 본 명세서에서 사용되는 용어 "mRNA" 또는 "메신저 RNA"는 하나 이상의 폴리펩타이드 사슬의 아미노산 서열을 암호화하는 단일 가닥 RNA를 지칭한다.

[1158] *샘플:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "샘플"은 분석 또는 처리를 위해 공급원으로부터 취하고/하거나 제공되는 분취물 또는 부분을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 샘플 조직, 세포 또는 구성요소(예를 들어, 혈액, 점액, 림프액, 윤활액, 뇌척수액, 타액, 양수, 양수 제대혈, 소변, 질액 및 정액을 포함하지만 이에 제한되지 않는 체액)과 같은 생물학적 공급원으로부터 유래된다. 일부 실시형태에서, 샘플은, 예를 들어, 혈장, 혈청, 척수액, 림프액, 피부의 외부 부분, 호흡기, 장관 및 비뇨생식관, 눈물, 타액, 우유, 혈액 세포, 종양, 기관을 포함하지만 이에 제한되지 않는 전체 유기체 또는 이의 조직, 세포 또는 구성 부분의 서브세트 또는 이의 분획 또는 일부로부터 제조된 균질물, 용해물 또는 추출물일 수 있거나 또는 이를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 샘플은 단백질 또는 핵산 분자와 같은 세포 성분을 포함할 수 있는 영양 브로스 또는 겔과 같은 배지이거나 또는 이를 포함한다. 일부 실시형태에서, "일차" 샘플은 공급원의 분취물이다. 일부 실시형태에서, 일차 샘플은 분석 또는 다른 용도를 위한 샘플을 준비하기 위해 하나 이상의 처리(예를 들어, 분리, 정제 등) 단계를 거친다.

[1159] *혈청형:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "혈청형"은 아종 수준에서 AAV의 분류를 가능하게 하는 표면 항원을 기반으로 하는 AAV의 캡시드의 뚜렷한 변이를 지칭한다.

[1160] *신호 서열:* 본 명세서에서 사용되는 바와 같이, 어구 "신호 서열"은 수송 또는 국부화를 지시할 수 있는 서열을 지칭한다.

[1161] *단일 단위 용량*: 본 명세서에서 사용되는 "단일 단위 용량"은 1회 용량/한 번에/단일 경로/단일 접촉점, 즉, 단일 투여 이벤트로 투여된 임의의 치료제의 용량이다. 일부 실시형태에서, 단일 단위 용량은 별개의 투여 형태(예를 들어, 정제, 캡슐, 패치, 적재된 주사기, 바이알 등)로서 제공된다.

[1162] 유사성: 본 명세서에서 사용되는 용어 "유사성"은 중합체 분자 사이, 예를 들어, 폴리뉴클레오타이드 분자(예를 들어, DNA 분자 및/또는 RNA 분자) 사이 및/또는 폴리펩타이드 분자 사이의 전반적인 관련성을 지칭한다. 서로에 대한 중합체 분자의 퍼센트 유사성의 계산은 퍼센트 유사성의 계산이 당업계에서 이해되는 바와 같은 보존적 치환을 고려한다는 점을 제외하고는 퍼센트 동일성의 계산과 동일한 방식으로 수행될 수 있다.

[1163] *스페이서:* 본 명세서에서 사용되는 "스페이서"는 일반적으로 2개 이상의 연속 miR 결합 부위 서열 사이에 위치하는, 예를 들어, 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 뉴클레오타이드 길이의 임의의 선택된 핵산 서열이다.

[1164] *안정화된:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "안정화하다", "안정화된", "안정화된 영역"은 안정하게 만들거나 또는 안정하게 되는 것을 의미한다. 일부 실시형태에서, 안정성은 절대값에 대해 측정된다. 일부 실시형태에서, 안정성은 참조 화합물 또는 실체에 대해 측정된다.

[1165] *대상체:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "대상체" 또는 "환자"는, 예를 들어, 실험적, 진단적, 예방적 및/또는 치료적 목적을 위해 본 개시내용에 따른 조성물이 투여될 수 있는 임의의 유기체를 지칭한다. 유사하게는, "대상체" 또는 "환자"는 특정 질환 또는 병태에 대해 훈련된 전문가에 의한 치료를 원할 수 있거나, 치료를 필요로 할 수 있거나, 치료를 받고 있거나 또는 치료를 받을 유기체를 지칭한다. 전형적인 대상체 동물(예를 들어, 포유동물 예컨대, 마우스, 래트, 토끼, 비인간 영장류 및 인간)을 포함한다. 소정의 실시형태에서, 대상체 또는 환자는 GBA-관련 장애에 걸리기 쉽거나 또는 걸린 것으로 의심될 수 있다. 소정의 실시형태에서, 대상체 또는 환자는 PD, 고셔병 또는 루이소체 치매 질환으로 진단될 수 있다.

[1166] *실질적으로*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "실질적으로"는 관심 특징 또는 특성의 전체 또는 거의 전체 범위 또는 정도를 나타내는 정성적 조건을 지칭한다. 생물학 분야의 당업자라면 생물학적 및 화학적 현상이 있다 하더라도 거의 완료되는 일이 드물고/드물거나 완전하게 진행되거나 절대적인 결과를 달성하거나 피한다는 것을 이해할 것이다. 따라서, 용어 "실질적으로"는 많은 생물학적 및 화학적 현상에 내재하는 완전함의 잠재적 결여를 포착하기 위해 본 명세서에서 사용된다.

[1167] *실질적으로 동일한*: 투여 사이의 시간차와 관련하여 본 명세서에서 사용되는 바와 같이, 용어는 플러스/마이너스 2%를 의미한다.

[1168] *실질적으로 동시에*: 본 명세서에서 사용된 바와 같이 그리고 복수의 투여와 관련하여, 용어는 전형적으로 약 2초 이내를 의미한다.

[1169] *앓고 있는*: 질환, 장애 및/또는 병태를 "앓고 있는" 개체는 질환, 장애 및/또는 병태의 하나 이상의 증상으로 진단되거나 또는 이를 나타낸다.

[1170] *걸리기 쉬운*: 질환, 장애 및/또는 병태에 "걸리기 쉬운" 개체는 진단되지 않고/않았거나 질환, 장애 및/또는 병태의 증상을 나타내지 않을 수 있지만, 질환 또는 이의 증상이 발병할 경향이 있다. 일부 실시형태에서, 질환, 장애 및/또는 병태(예를 들어, 암)에 걸리기 쉬운 개체는 다음 중 하나 이상을 특징으로 할 수 있다: (1) 질환, 장애 및/또는 병태의 발생과 관련된 유전적 돌연변이; (2) 질환, 장애 및/또는 병태의 발생과 관련된 유전적 다형성; (3) 질환, 장애 및/또는 병태와 관련된 단백질 및/또는 핵산의 증가된 및/또는 감소된 발현 및/또는 활성; (4) 질환, 장애 및/또는 병태의 발생과 관련된 습관 및/또는 생활 방식; (5) 질환, 장애 및/또는 병태의 가족력; 및 (6) 질환, 장애 및/또는 병태의 발생과 관련된 미생물에 대한 노출 및/또는 감염. 일부 실시형태에서, 질환, 장애 및/또는 병태에 걸리기 쉬운 개체는 질환, 장애 및/또는 병태가 발생할 것이다. 일부 실시형태에서, 질환, 장애 및/또는 병태에 걸리기 쉬운 개체는 질환, 장애 및/또는 병태가 발생하지 않을 것이다.

[1171] *합성*: 용어 "합성"은 사람의 손에 의해 생산, 준비 및/또는 제조된 것을 의미한다. 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드 또는 본 개시내용의 다른 분자의 합성은 화학적 또는 효소적일 수 있다.

[1172] *표적화:* 본 명세서에서 사용되는 "표적화"는 표적 핵산에 혼성화하고 목적하는 효과를 유도할 핵산 서열의 설계 및 선택의 과정을 의미한다.

[1173] *표적화된 세포:* 본 명세서에서 사용되는 "표적 세포" 또는 "표적화된 세포"는 임의의 하나 이상의 관심 세포를 지칭한다. 세포는 시험관내, 생체내, 제자리 또는 유기체의 조직 또는 기관에서 발견될 수 있다. 유기체는

동물, 포유동물, 인간 및/또는 환자일 수 있다. 표적 세포는 CNS 세포 또는 CNS 조직의 세포일 수 있다.

[1174] *치료제:* 용어 "치료제"는 대상체에게 투여될 때 치료적, 진단적 및/또는 예방적 효과를 갖고/갖거나 목적하는 생물학적 및/또는 약리학적 효과를 이끌어내는 임의의 작용제를 지칭한다.

[1175] *치료학적 유효량:* 본 명세서에서 사용되는 용어 "치료학적 유효량"은 충분한, 감염, 질환, 장애 및/또는 병태를 앓고 있거나 또는 이에 걸리기 쉬운 대상체에게 투여될 때 감염, 질환, 장애 및/또는 병태의 증상을 치료, 개선하고, 이의 발병을 진단, 예방 및/또는 지연시키기에 충분한 전달될 작용제(예를 들어, 핵산, 약물, 치료제, 진단제, 예방제 등)의 양을 의미한다. 일부 실시형태에서, 치료학적 유효량은 단일 용량으로 제공된다. 일부 실시형태에서, 치료학적 유효량은 복수의 용량을 포함하는 투여 양생법으로 투여된다. 당업자라면 일부 실시형태에서 단위 투여 형태가 이러한 투여 양생법의 일부로서 투여될 때 유효한 양을 포함하는 경우 치료학적 유효량의 특정 작용제 또는 실체를 포함하는 것으로 간주될 수 있음을 이해할 것이다.

[1176] *치료학적으로 효과적인 결과*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "치료학적으로 효과적인 결과"는 감염, 질환, 장애 및/또는 병태를 앓고 있거나 또는 이에 걸리기 쉬운 대상체에서 감염, 질환, 장애 및/또는 병태의 증상을 치료, 개선하고, 이의 발병을 진단, 예방 및/또는 지연시키기에 충분한 결과를 의미한다.

[1177] *흉부 영역*: 본 명세서에서 사용되는 "흉부 영역"은 흉추 T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11 및 T12를 포함하는 척수의 영역을 지칭한다.

[1178] *치료하는*: 본 명세서에서 사용되는 용어 "치료하는"은 특정 감염, 질환, 장애 및/또는 병태의 하나 이상의 증상 또는 특징의 발병을 부분적으로 또는 완전히 완화(alleviating), 개선(ameliorating), 개선(improving), 완화(relieving), 역전, 지연시키고, 이의 진행을 저해하고, 이의 중증도를 감소시키고/시키거나 이의 발생률을 감소시키는 것을 지칭한다. 치료제는 질환, 장애 및/또는 병태와 관련된 병리가 발생할 위험을 감소시킬 목적으로 질환, 장애 및/또는 병태의 징후를 나타내지 않는 대상체 및/또는 질환, 장애 및/또는 병태의 초기 징후만을 나타내는 대상체에게 투여될 수 있다.

[1179] *변형되지 않은*: 본 명세서에서 사용되는 "변형되지 않은"은 임의의 방식으로 변경되기 전의 임의의 물질, 화합물 또는 분자를 지칭한다. 변형되지 않은은 항상 그런 것은 아니지만 생체분자 또는 실체의 야생형 또는 천연 형태를 지칭한다. 분자 또는 실체는 일련의 변형을 겪을 수 있으며, 각 변형된 생성물은 후속 변형을 위한 "변형되지 않은" 출발 분자 또는 실체의 역할을 할 수 있다.

[1180] *벡터*: 본 명세서에서 사용되는 "벡터"는 이종 분자의 운반체로서 수송, 형질도입 또는 그렇지 않으면 작용하는 임의의 분자 또는 모이어티이다. 본 개시내용의 벡터는 재조합적으로 생산될 수 있고, 아데노-관련 바이러스(AAV) 모 또는 참조 서열(들)을 기반으로 할 수 있고/있거나 이를 포함할 수 있다. 이러한 모 또는 참조 AAV 서열은 벡터를 조작하기 위한 원래의, 제2, 제3 또는 후속 서열로 작용할 수 있다. 비제한적인 예에서, 이러한 모 또는 참조 AAV 서열은 다음 서열 중 임의의 하나 이상을 포함할 수 있다: 야생형이거나 또는 야생형으로부터 변형될 수 있는 서열을 갖는 폴리펩타이드 또는 다중-폴리펩타이드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열로서, 이 서열은 단백질, 단백질 도메인 또는 GCase 단백질의 하나 이상의 서브유닛 및 이들의 변이체의 전장 또는 부분 서열을 암호화할 수 있는, 상기 폴리뉴클레오타이드 서열; 야생형이거나 또는 야생형으로부터 변형될 수 있는 서열을 갖는 GCase 단백질 및 이들의 변이체를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드; 및 야생형 서열로부터 변형될 수 있거나 또는 변형되지 않을 수 있는 GCase를 암호화하는 이식유전자 단백질 및 이들의 변이체.

[1181] *바이러스 작제물 벡터:* 본 명세서에서 사용되는 "바이러스 작제물 벡터"는 Rep 및/또는 Cap 단백질을 암호화하거나 또는 포함하는 하나 이상의 폴리뉴클레오타이드 영역을 포함하는 벡터이다. 바이러스 작제물 벡터는 또한 바이러스 복제 세포에서 바이러스 발현을 위한 성분을 암호화하거나 또는 포함하는 하나 이상의 폴리뉴클레오타이드 영역을 포함할 수 있다.

[1182] *바이러스 게놈*: 본 명세서에서 사용되는 "바이러스 게놈" 또는 "벡터 게놈"은 적어도 하나의 역 말단 반복(ITR) 및 적어도 하나의 암호화된 페이로드를 포함하는 폴리뉴클레오타이드이다. 바이러스 게놈은 페이로드의 적어도 하나의 카피를 암호화한다.

[1183] 야생형*:* 본 명세서에서 사용되는 "야생형"은 생체분자, 서열 또는 실체의 천연 형태이다.

[1184] **실시예**

[1185] 본 개시내용은 하기 비제한적인 실시예에 의해 추가로 설명된다. 실시예에 기재된 실험은 향상된 AAV-기반 GCase 유전자 요법 치료가 GBA-관련 장애를 개선하는 데 있어서 야생형 GCase-기반 치료보다 우수하고/하거나

상가적임을 확증한다.

[1186] **세포주, 조직 및 동물 모델**

[1187] 시험관내 실험: GBA 환자로부터의 인간 섬유아세포(모두 3가지 유형)를 코리엘레(Corielle)로부터 얻었다. 다음 고셔병 환자 섬유아세포를 연령 및 인종이 일치하는 건강한 대조군 섬유아세포의 현저하게 고갈된 GCase 활성(4% 내지 6%) 및 이용 가능성을 기반으로 선택하였다: 피부/서혜부 영역으로부터의 GM04394-섬유아세포, GM00852-섬유아세포, GM00877-섬유아세포, GM05758-섬유아세포 및 피부/불특정 영역으로부터의 GM02937-섬유아세포(모두 코리엘레로부터 입수 가능).

[1188] GBA-4L/PS-NA 일차 뉴런은 QPS의 임신한 GBA-4L/PS-NA 암컷으로부터 생성할 수 있다. GBA-넉아웃(GBA-KO) 신경아세포종 세포주(IMR-32 배경, ATCC로부터 입수 가능)를 신테고(Synthego)로부터 얻었다.

[1189] 동물 모델: GBA-4L/PS-NA 마우스 모델(QPS에서 입수 가능): 4L/PS-NA 마우스는 낮은 수준의 프로사포신 및 사포신 C뿐만 아니라 위치 V394L/V394L에 점 돌연변이가 있는 GCase를 발현한다. 비장, 흉선, 폐 및 간과 같은 내장 기관에서 백혈구 및 대식세포의 강력한 비대가 빠르면 5주령에 발생한다. 피질 및 해마에서 신경염증을 동반한 대부분의 결손과 근력의 감소는 동물이 나이가 들면서 증가한다. 글루코실세라마이드 및 글루코실스핑고신의 상당한 증가가 있다. GBA-4L/PS-NA는 최대 22주까지 생존할 수 있다. 동종접합 Prnp-SNCA-A53T(M83) 마우스는 8개월령까지 α-syn 응집체 및 점진적으로 심각한 운동 표현형이 발생한다.

[1190] **실시예 1. 벡터 설계 및 합성**

[1191] 인간 GBA 폴리펩타이드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 페이로드 영역을 발현하는 AAV 바이러스 게놈을 생성하였다. 바이러스 게놈은 표 1에 제공된 혈청형의 AAV 캡시드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드를 포함한다. 프로모터 영역은 페이로드 영역의 발현을 조절한다. 광범위한 GBA 분포는 상이한 CNS 세포 유형 내에서 형질도입을 달성하기 위해 CBA와 같은 유비쿼터스 프로모터를 사용하여 달성하였다.

[1192] AAV2 ITR 내에 패키징된 유비쿼터스 CBA 프로모터 하에 단일-가닥 코돈 최적화된 GBA cDNA 서열을 생성하였다(wtGBA). 향상된 GBA(enGBA) 작제물(실시예 2 내지 5 참조)을 생성하고, wtGBA와 비교하였다. 시험관내 실험에 대한 감염 다중도를 테스트하기 위해 wtGBA 및 GFP 리포터 벡터를 병행(side-by-side) 비교하였다. 최종 AAV 이식유전자 설계 지명(nomination)은 벡터화된 시험관내 실험을 기반으로 만들었으며, GLP 및 내약성 연구에 사용되는 모델을 포함하여 제안된 생체내 모델에서 테스트하였다.

[1193] PD-GBA 환자는 CNS에서 GCase 수준의 전반적인 감소를 보인다. 결과적으로, CSF, 미상, 흑질, 피질 및 소뇌에서의 높은 GCase 수준이 표적화된다. 질환 병리는 주로 뉴런이지만, 치료적 전략은 교차-교정 이익을 통해 다른 CNS 세포-유형, 예를 들어, 성상세포의 형질도입에 의해 이익을 얻을 것으로 예산된다.

[1194] PD-GBA 외에도, 고셔병(신경병증성 고셔병 포함) 및 루이소체 치매를 포함한 GBA 돌연변이가 있는 환자에서 2차 질환 적응증에 대한 효능을 테스트하였다.

[1195] 위에 기재된 바와 같이 설계된 이식유전자를 플라스미드-수준 발현에 대해 테스트하였으며: 모든 카세트는 AAV2 ITR 측면에 있는 유비쿼터스 CBA 프로모터에 의해 구동되는 단일 가닥 AAV 이식유전자 구성으로 조작하였다. 다음과 같은 이식유전자 작제물을 조작하고 합성하였다: 1) 코돈 최적화된 GBA cDNA 작제물; 2) GBA cDNA를 포함하고 동일한 이식유전자(최적의 보조활성인자 유전자 및 링커 서열은 플라스미드-수준 발현 분석에 기초한 벡터화를 위해 선택됨)에서 프로사포신/사포신 C를 추가로 암호화하는 향상된 GBA 작제물; 3) 세포-침투 펩타이드를 포함하는 향상된 GBA 작제물; 및 4) 라이소솜 표적화 펩타이드(LTP)를 포함하는 향상된 GBA 작제물; 및 5) GBA cDNA, 사포신 서열(들), 라이소솜 표적화 서열(들) 및/또는 세포 침투 펩타이드 서열(들)의 조합을 포함하는 조합적 향상된 GBA 작제물.

[1196] 이들 작제물은 ITR 플라스미드 형질감염을 1차 통과하여 세포 배양에서 발현/GCase 활성에 대해 테스트하였다. 구체적으로, 형질감염 후 48시간에 CHO/HEK-293 세포에서 플라스미드를 테스트하였다. 용해물 및 배지 모두에 대해 발현을 평가하였다. 결과에 기초하여, 시험관내 질환 모델 환경 내에서의 벡터화 및 평가를 위해 GBA 이식유전자 ITR 카세트(wt, enGBA 및 enGBAcombo 작제물)를 선택하였다.

[1197] 플라스미드-수준 발현/GCase 활성 확인 시, 초기 시험관내 평가를 위해 선택된 AAV ITR 카세트(wtGBA, enGBA 및 enGBAcombo)를 HEK 293 소규모 AAV6 또는 AAV2 프렙에 패키징하였다.

[1198] **실시예 2. SapC의 공동 투여는 GBA 유전자 요법을 향상시킨다**

[1199] GBA 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈은 또한 강화 요소, 예를 들어, 프로사포신 단백질, 사포신 C 단백질 또는 이들의 기능적 변이체를 추가로 암호화하도록 설계될 수 있다. GCase 보조활성인자 사포신 C(SapC)은 사포신 전구 단백질 프로사포신의 절단 산물 중 하나이다. 사포신 C는 GCase 라이소솜 효소의 필수 활성인자이다. PD-GBA 및 고셔병의 마우스 모델에서, GBA 및 사포신 C 기능 상실의 조합은 상당히 악화된 질환 표현형을 초래한다. 따라서, GCase 효소의 촉매 활성을 향상시킴으로써 GBA 유전자 요법의 효능을 증가시키기 위해 GBA (예를 들어, 서열번호 1772, 1773, 1776, 1777, 1780 또는 1781의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 예를 들어, GBA 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈 또는 이들의 기능적 변이체) 및 프로사포신 단백질(예를 들어, 서열번호 1750 또는 1758의 아미노산 서열을 포함하는 프로사포신 단백질 또는 이들의 기능적 변이체; 또는 서열번호 1858 또는 1859를 포함하는 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화되는 프로사포신 단백질 또는 이들의 기능적 변이체) 또는 사포신 C(SapC) 단백질 또는 이들의 기능적 변이체(예를 들어, 서열번호 1788, 1789, 1791 또는 1792의 아미노산 서열을 포함하거나; 또는 서열번호 1786, 1787, 1790 또는 1791의 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화된 SapC 단백질 또는 이들의 기능적 변이체)를 암호화하는 cDNA의 AAV 매개성 공동 전달을 테스트하였다.

[1200] **실시예 3. 세포-침투 펩타이드는 세포 침투/흡수를 향상시킨다**

[1201] GBA 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈은 또한 강화 요소, 예를 들어, 세포 침투 펩타이드 또는 이들의 기능적 변이체를 추가로 암호화하도록 설계될 수 있다. 이론에 얽매이지 않고, 본 개시내용의 이식유전자의 GCase 서열에 추가된 세포-침투 펩타이드(CPP) 신호는 순환, 뇌척수액 및 AAV-형질도입 세포로부터의 간질액에서 분비된 GCase 생성물의 세포 흡수를 증가시키는 것으로 여겨지며; 따라서, 이렇게 향상된 세포 침투는 분비된 GCase 효소의 교차-교정 가능성을 증가시킨다. 본 명세서에서 사용되는 예시적인 CPP는 다음을 포함한다: HIV-유래 TAT 펩타이드(예를 들어, 1794의 아미노산 서열을 포함하고/하거나 서열번호 1794의 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화됨), 인간 아포지단백질 B 수용체 결합 도메인(예를 들어, 1796의 아미노산 서열을 포함하고/하거나 서열번호 1795의 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화됨) 및/또는 인간 아포지단백질 E-II 수용체 결합 도메인(예를 들어, 1798의 아미노산 서열을 포함하고/하거나 서열번호 1797의 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화됨).

[1202] **실시예 4. CMA 인식 서열은 세포내 라이소솜 표적화를 향상시킨다**

[1203] GBA 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈은 또한 강화 요소, 예를 들어, 라이소솜 표적화 서열 또는 이들의 기능적 변이체를 추가로 암호화하도록 설계될 수 있다.

[1204] 글리코실화-독립적 라이소솜 표적화 펩타이드(M-6-P 독립적 라이소솜 표적화 메커니즘임)를 포함하는 샤페론 서열은 라이소솜 효소 생성물의 향상된 전달을 가능하게 하는 능력을 보여주었다. GBA는 라이소솜 표면 수용체(라이소솜 국부화에 중요함)로서 LIMP-2(SCARB2 유전자에 의해 암호화됨)를 이용한다. SCARB2와 GBA의 공동 전달은 GCase의 라이소솜 표적화를 향상시키는 대체 전략을 제공한다. GCase 효소의 라이소솜 표적화를 증가시키기 위해 샤페론-매개성 자가포식(autophagy) 신호를 본 개시내용 이식유전자에 혼입시켰다. 샤페론-매개성-자가포식(CMA) 경로의 고도로 보존된 인식 서열을 GCase 효소의 개선된 라이소솜 표적화에 대해 분석하였다. 이러한 서열은, 예를 들어, RNase A-유래 CMA 인식 서열, HSC70-유래 CMA 인식 서열 또는 헤모글로빈-유래 CMA 인식 서열을 포함한다.

[1205] 라이소솜 표적화 서열(LTS)이 또한 본 명세서에 기재된 GBA 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈에 포함된다. 본 명세서에서 사용되는 예시적인 LTS 펩타이드는 LTS1(예를 들어, 서열번호 1800의 아미노산 서열을 포함하고/하거나 서열번호 1799의 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화됨), LTS2(예를 들어, 서열번호 1802의 아미노산 서열을 포함하고/하거나 서열번호 1801의 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화됨), LTS3(예를 들어, 서열번호 1804의 아미노산 서열을 포함하고/하거나 서열번호 1803의 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화됨), LTS4(예를 들어, 서열번호 1806의 아미노산 서열을 포함하고/하거나 서열번호 1805의 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화됨) 및/또는 LTS5(예를 들어, 서열번호 1808의 아미노산 서열을 포함하고/하거나 서열번호 1807의 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화됨)를 포함한다.

[1206] **실시예 5. 조합적 향상**

[1207] 전술한 강화 요소(실시예 2 내지 4)의 조합을 생체내에서 GCase 효소의 AAV 매개성 전달의 효능을 상가적 또는 상승적으로 증가시키는 상이한 조합(향상된 교차-교정, 향상된 라이소솜 표적화, 향상된 촉매 활성의 다양한 가능한 조합에 의해)의 능력에 대해 테스트하였다. 이러한 조합적 접근법을 또한 전술한 다양한 결과에 대해 참조 이식유전자(서열번호 1759)와 비교하였다. 이론에 얽매이지 않고, 이식유전자-수준 향상은 AAV 유전자 요법의

효능을 증가시키고 생체내 평가 및 임상 적용을 위한 최소한의 유효 투여량을 감소시킬 수 있는 것으로 여겨진다.

[1208] **실시예 6. 시험관내 스크리닝**

[1209] 초기 시험관내 실험 참조 GBA 작제물(예를 들어, 서열번호 1759)과 병행 비교를 수행함으로써 GBA 이식유전자에서 이루어진 기능적 향상의 검증을 가능하게 하도록 설계하였다. 실험은 GBA LOF(환자 섬유아세포 또는 GBA 넉아웃 마우스 일차 뉴런)의 시험관내 모델에 대한 AAV 벡터화 형질도입 연구로서 실행한다. 용량 반응을 결정하였다. 최종 GCase 생성물의 번역 후 변형 및 활성도 결정할 수 있다.

[1210] AAV 벡터 패키징 wtGBA, enGBA 및 enGBAcombo를 사용한 시험관내 평가를 GBA 돌연변이가 있는 환자 섬유아세포와 WT 및/또는 4L/PS-NA GBA 마우스 모델로부터 유래된 일차 뉴런에서 수행하였다. 생성된 모든 AAV.GBA 벡터의 3-점 용량-반응 곡선을 생성하기 위한 준비에서, 최적의 실험 조건, 예를 들어, 시험관내 스크리닝에 적용되는 AAV6 벡터에 대한 감염 다중도(Multiplicity Of Infection: MOI)를 확인하기 위해 AAV6.CBA.루시퍼레이스 리포터-유전자 형질도입 검정을 2개의 세포주에서 수행하였다. 시험관내 실험이 최적화되면, 추가의 생체내 평가를 위한 최적의 enGBA 이식유전자 구성을 확인하기 위한 일대일 비교가 수행될 수 있다.

[1211] GCase 활성에 대한 AAV-enGBA 또는 AAV-wtGBA 작제물(예를 들어, 표 18 내지 21 또는 29 내지 32에 기재된 바와 같은, 예를 들어, 서열번호 1759 내지 1771 또는 1809 내지 1828 중 어느 하나)의 시험관내 용량-반응 비교: GBA 이식유전자 향상 전략이 질환-관련 시험관내 모델에서 증가된 GCase 활성을 부여하는지 결정하기 위해, GBA 돌연변이가 있거나 없는 인간 섬유아세포 및 WT/GBA 돌연변이체 마우스 일차 뉴런을 3개의 상이한 MOI로 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체를 패키징하는 AAV6 벡터로 처리하였다. 종료 시점에서, 세포내 및 분비된 GCase 발현 및 활성을 배지와 세포 용해물 모두에서 측정하였다. 추가적으로, 상이한 조건에 대한 성공적인 시험관내 유전자 전달을 보장하기 위해 ddPCR 기반 벡터 게놈 분석을 수행하였다.

[1212] 세포하 국부화를 위한 AAV-enGBA 작제물의 시험관내 비교: GBA 이식유전자 향상 전략이 건강한 모델 및 질환 관련 시험관내 모델에서 증가된 라이소솜 국부화 특성을 부여하는지 여부를 결정하였다. GBA 돌연변이가 있거나/없는 인간 섬유아세포; 및 WT/GBA 돌연변이체 마우스 일차 뉴런을 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체를 패키징하는 AAV6 벡터로 처리하였다. 종료 시점에서, 세포를 고정하고, HA(AAV 형질도입) 및 라이소솜 마커(예를 들어, Lamp1)에 대해 공동 면역염색하였다. 이미지 분석 및 정량화를 위해 Bio-Tek Cytation 5를 사용하여 라이소솜에서 형질도입 효율 및 공동 국부화 %를 모든 AAV 벡터에 대해 평가하였다.

[1213] 효소 교차-교정을 위한 AAV-enGBA 작제물의 시험관내 비교: 세포내 및 분비된 GCase 활성에 더하여, AAV-GBA 이식유전자 향상 전략을 질환 관련 시험관내 조건에서 교차-교정 특성에 대해 평가하였다. 비-GBA/GBA 인간 섬유아세포 및 GBA 돌연변이체/WT 마우스 일차 뉴런을 향상된 GBA 바이러스 게놈을 패키징하는 AAV6 벡터로 처리하였다. AAV 처리 후 24-시간, 48-시간 및 72-시간에 형질도입된 세포로부터의 조건 배지를 수집하였다. 그런 다음, 생체내 교차-교정을 개괄하기 위해, 처리되지 않은 인간 섬유아세포 및 마우스 일차 뉴런을 24시간 동안 상이한 조건 배지로 처리하였다. 이 시점에서, 웰의 서브세트를 HA(교차-교정된 GCase 단백질 생성물의 시각화) 및 라이소솜 마커(예를 들어, Lamp1)에 대해 공동 면역염색하였다. 웰의 또 다른 서브세트를 용해시키고, GCase 활성에 대해 평가하였다. 라이소솜에서의 교차-교정 효율 및 공동 국부화 %를 모든 AAV 벡터 처리에 대해 시각화하고 정량화하였다.

[1214] AAVwtGBA 및 AAVenGBA 벡터를 사용한 시험관내 GBA MOI 용량-반응 연구: 최적의 AAV 캡시드 패키징 wtGBA 및 enGBA 작제물의 소규모 프렙. wtGBA 및 enGBA 패키징 AAV를 사용하여 3-점 용량-반응 감염 연구를 수행하였다. GBA-KO 신경아세포종 세포(wtGBA 신경아세포종 대조군) 및 고셔병 환자 섬유아세포(건강한 대조군)를 평가에 사용하였다.

[1215] 생체내 추가 분석을 위해 선택된 wtGBA 또는 enGBA 작제물을 확인하였다.

[1216] **실시예 7. 검정 개발**

[1217] GCase 활성을 검출하는 한 가지 방법은 전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Rogers *et al.*, "Discovery, SAR, and biological evaluation of non-inhibitory chaperones of glucocerebrosidase." (2010)]에 기술되어 있는 바와 같이 인공 기질인 4-메틸움벨리페릴 β-D-갈락토피라노사이드(4-MUG)의 턴오버를 측정하는 것을 포함한다. 4-MUG 검정은 세포 용해물에서 GCase 활성 및 GCase 농도를 결정하는 데 사용된다.

[1218] GCase 활성을 검출하는 또 다른 방법은 제조업체의 지침에 따라 형광 검정인 SensoLyte Blue 글루코세레브로시

데이스 검정(아나스펙(AnaSpec), 캘리포니아주 프리몬트 소재)의 사용을 포함한다. Sensolyte Blue 글루코세레브로시데이스 검정은 형광성 유사체-기질을 사용하여 GCase 활성을 검출하되, 출력은 표준 플레이트 판독기에서 365nm/445nm에서 형광 여기/방출이다.

[1219] 마우스 조직에서 hGBA의 형광-기반 검출 및 마우스에서 hGCase 활성의 평가는 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Morabito, Giuseppe *et al.*, "AAV-PHP. B-mediated global-scale expression in the mouse nervous system enables GBA gene therapy for wide protection from synucleinopathy." Molecular Therapy 25.12 (2017): 2727-2742]에 기술되어 있는 바와 같은 방법을 사용하여 결정될 수 있다. GCase 활성을 시각화하는 대체 방법은, 예를 들어, 전체 내용이 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Chao, Daniela Herrera Moro *et al.*, "Visualization of active glucocerebrosidase in rodent brain with high spatial resolution following in situ labeling with fluorescent activity based probes." PLoS One 10.9 (2015)]에 기술되어 있다. 또한, 시험관내 및 생체내에서 고도로 특이적인 GBA 표지를 위한 "초고감도" 사이클로펠리톨 β-옥사이드(CBE) 기반 프로브를 설명하고 있는 전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Witte, Martin D., *et al.* Nature Chemical Biology 6, 907-13 (2010)]을 참조한다. GCase 저해제인 CBE는 GBA에 비가역적으로 결합하여 GCase 활성을 저해하고, 혈액-뇌-장벽을 통과하며, 고셔병의 생화학적, 임상적 및 조직학적 징후를 유발하는 것으로 나타났다(Kuo, Chi-Lin, *et al.* "*In vivo* inactivation of glycosidases by conduritol B epoxide and cyclophellitol as revealed by activity-based protein profiling." The FEBS journal 286.3 (2019): 584-600, 전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용됨).

[1220] 이들 검정을 위해, GCase/GBA 단백질 농도 및 활성을 결정하고, 용해물에서의 총 단백질/활성 수준으로 정규화하였다. 음성 대조군 용해물은, 예를 들어, 비히클(PBS) 처리된 6주 내지 8주 C57/Bl6 암컷 마우스(n=4)의 해마 및 뇌간으로부터 준비하였다. 양성 대조군 용해물은 인간 재조합 GBA-감염/발현 세포로부터 준비하였다. 저해제 대조군 용해물은 효소의 특이성을 테스트하기 위해 인간 재조합 GBA+GBA-저해제 감염/발현 세포로부터 준비하였다. 이러한 연구에 사용하기 위한 GCase 저해제는 CBE이다. 비히클/용해 완충액/매트릭스 대조군은 용해 완충액(시그마(Sigma))과 기질만으로 이루어진다. 배경 대조군은 기질만으로 이루어진다. GCase 활성을 관찰하는 데 필요한 최소한의 단백질 농도는 용해물의 추가 희석 분석에 의해 확인하였다.

[1221] AAV 투여 후 시험관내 GBA 질환 모델(고셔병 환자 섬유아세포 및 GBA-KO 신경아세포종 세포) 내에서 글루코실세라미데이스 활성 및 글루코실세라미데이스 단백질 농도의 증가를 평가하기 위한 검정을 검증하였다.

[1222] **실시예 8. 생체내 스크리닝**

[1223] GBA 질환 모델에서 생체내 표적 결합: 시험관내 스크리닝 후, GBA 마우스 모델(GBA-4L/PS-NA)에서 표적 결합을 입증하였다. AAV-wtGBA와의 병행 비교를 사용하여 소견을 더욱 강화하고 생체내 효능을 입증할 수 있다. 생체내 평가는 시험관내 평가 동안 선택된 AAV9-enGBA 및 AAV9-enGBAcombo 후보 치료제가 GBA 마우스 모델에서 AAV9-GBA 참조 작제물과 비교하여 GCase 활성이 유사하거나/상당히 더 높고 GluCer 및 글루코실스핑고신 기질-수준 감소 이익이 감소하는지 여부를 결정한다.

[1224] GBA 4L/PS-NA 마우스 모델(QPS에서 입수 가능)을 사용하여 GBA 참조 작제물과 비교할 때 상당히 유리한 속성을 갖는 최대 10개의 상위 enGBA 작제물을 테스트하였다. AAV-처리되지 않은 비트랜스제닉(NT) 마우스를 생화학적 분석을 위한 대조군으로서 사용하였다. GBA-4L/PS-NA 마우스는 빠르면 출생 5주 후에 상당히 감소된 GCase 활성 및 증가된 글루코실세라마이드 및 글루코실스핑고신을 포함하여 인간 GBA 돌연변이의 관련된 특징을 나타낸다. CTx 및 해마에서의 신경염증은 이들 마우스에서도 나타난다.

[1225] GBA 질환 모델에서 표적 결합을 평가하기 위해, GBA 참조 작제물을 패키징하는 AAV9 벡터 및 최대 상위 10개의 향상된 GBA 변이체 바이러스 게놈의 3가지 용량 5×10^{9}, 1×10^{10}, 5×10^{10} vg/inj의 선조체내 투여를 양측 주사를 통해 수행하였다. 동물을 주사 4주 후 안락사시키고, AAV 생체분포 및 형질도입(GCase 활성 및 GluCer 기질 수준) 분석을 위해 CNS, 말초 조직 및 체액 구획(혈청 및 CSF)을 수집하였다. 성공적인/리드(lead) 후보는 GBA 동물 모델에서 GCase 활성의 약간의 증가(기준선에 대해 약 30%)를 야기하였다. 건강한 동물에서 GCase 및 GluCer의 생리학적 수준을 비교하기 위해 처리되지 않은 계통 및 연령-일치된 WT 마우스를 포함시켰다. 따라서, 선조체내 enGBA/enGBAcombo 처리는 GBA 참조 작제물과 비교하여 GBA 돌연변이체 마우스의 CNS 조직 및 CSF에서 GCase 효소 수준의 동등한/우수한 생리학적 회복을 초래한다. 기질 감소를 위한 상이한 처리에 대한 글루코실세라마이드 또는 글리코실스핑고신 수준에 대해서도 부수적으로 유사한 비교를 수행하였다. 최대 3개의 상위 AAV9-enGBA 치료제가 효능 연구에 대해 진전을 보였다.

[1226] **실시예 9. 생체내 효능 평가**

[1227] 용량 선택: 실시예 2 내지 5에서 확인된 생체내 표적 결합 히트(hit)를 GBA-PD의 뮤린 질환 모델에서의 판독값에 기초하여 GCase 발현, 표적 결합 및 효능에 대해 평가하였다. 생체내 효능 결정 연구를 위해, GBA-4L/PS-NA와 SNCA-A53T(M83) 마우스를 모두 사용하였고; WT 동물은 대조군으로 사용하였다. 두 마우스 모델(GBA-4L/PS-NA 및 M83)(그룹당 n = 6마리 내지 10마리의 마우스)에 상위 히트의 5×10^{9}, 1×10^{10}, 5×10^{10} vg/inj(또는 연구 결과에 기초한 다른 적절한 농도)를 양측 선조체내 주사하였다. 투여 4주 또는 8주 후에 마우스를 안락사시켰다. 피질, 선조체, 시상, 뇌간, 소뇌, CSF, 혈청 및 간을 포함한 CNS 및 말초 조직 및 체액 샘플을 수집하였다. GCase 발현과 활성 및 GluCer 기질 수준을 측정하였다. 마우스 뇌, 척수 및 간의 Iba1, GFAP 및 H&E 염색을 사용한 초기 면역조직화학적 판독을 수행하여 다양한 AAV 용량에서 내약성을 확인하였다.

[1228] 효능 평가는 AAV-enGBA 후보 치료제가 GBA-4L/PS-NA 마우스 모델 내에서 GCase 기질의 감소를 초래하는 뇌에서의 GCase 활성의 효과적이고 지속적인 증가를 초래하는지 여부를 결정할 것이다. 용량 선택 연구를 기반으로, 내약성이 우수하고 관련 CNS 조직에서 30%를 초과하는 GBA 단백질 발현의 증가를 나타내는 AAV 벡터를 시간-반응 연구에서 추가로 테스트하였다. 간략하게는, GBA-4L/PS-NA 마우스(n=6 내지 10)에 리드 작제물(용량-선택 연구에 기초하여 결정된 용량)을 선조체내 주사로 주사하고, 다양한 시점(예를 들어, 4주, 8주 및 12주)에서 다중 CNS 및 말초 조직 및 체액 구획(혈청 및 CSF)을 수집하고, CNS 및 주변부에서의 GCase 발현 및 활성, 기질 감소를 정량화하였다. 형질도입된 GCase 효소 생성물의 라이소솜 국부화는 라이소솜 마커를 이용한 AAV 형질도입의 면역-공동 국부화로 확인하였다.

[1229] 추가 평가는 AAV-enGBA 후보 치료제가 GBA1/α-시누클레인 A53T 마우스 모델 내에서 α-Syn 병리의 감소를 초래하는 뇌에서의 GCase 활성의 효과적이고 지속적인 증가를 초래하는지 여부를 평가할 것이다. 용량 선택 연구를 기반으로, 내약성이 우수하고 관련 CNS 조직에서 30%를 초과하는 GBA 단백질 발현의 증가를 나타내는 AAV 벡터를 SNCA-A53T(M83) 마우스 모델에서 추가로 테스트하였다. M83 마우스는 6개월령 내지 7개월령에 α-syn 병리가 발생하기 시작하여 진행성 운동 결손을 보이는 것으로 알려져 있다. 약 6개월령에 M83 마우스(n=8 내지 12)에 가장 효과적인 작제물(선조체내; 연구 결과에 따른 용량)을 주사하고; 투여 3개월 후 GCase 발현 및 활성 및 α-syn 병리에 대해 평가하였다. 이전의 연구는 SNCA 트랜스제닉 마우스 모델에서 α-syn 응집체를 감소시키는 AAV-GBA의 치료적 이점을 보여주었다. 여기서, GCase 발현 및 활성 외에도, CNS 조직 및 CSF에서 GCase 효소 수준(30% 초과)의 생리학적 회복을 초래하는 AAV-enGBA 후보 치료제를 면역조직화학적 분석을 사용하여 A53T(M83) 마우스에서 α-syn 병리 감소에 대해 평가하였다.

[1230] **실시예 10. 자연사(Natural History) 연구**

[1231] 1단계 스크리닝 노력과 병행하여, 표현형, 생화학적 및 면역조직화학적 분석을 4L/PS-NA, 4L 대조군 및 야생형 마우스에서 수행하여 질환-관련 효능 판독값 및 타임라인을 확립하였다.

[1232] GBA 및 사포신 C 발현 수준을 LC-MS/MS에 의해 마우스의 앞뇌, 중간뇌 및 마름뇌의 절편에서 결정하고, 액틴 수준으로 정규화하였다. 5주령, 12주령 및 18주령에 걸쳐 뇌의 모든 영역에서 일관되게, 4L/PS-NA 마우스는 야생형 마우스와 비교하여 낮은 GBA 발현 수준 및 4L 마우스와 유사한 GBA 발현의 수준을 나타내었다(표 23). 야생형 마우스의 뇌는 일반적으로 중간뇌 및 앞뇌에 비해 마름뇌에서 증가된 GBA 발현의 경향을 보였다(표 23). 추가적으로, 앞뇌 및 중간뇌에서 GBA 수준의 감소가 5주령과 12주령 내지 18주령 사이의 야생형 마우스에서 관찰되었다.

표 23

GBA-관련 질환 마우스 모델에서 평균 GBA 수준(GBA/액틴)

동물 모델	5 주			12 주			18 주		
	뇌의 영역			뇌의 영역			뇌의 영역		
	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌
4L/PS-NA	473.5	715.2	996.7	591.0	760.5	779.0	801.8	726.6	907.6
4L 대조군	687.5	676.8	939.8	614.5	764.9	702.8	512.3	691.8	1094.2
야생형	3463.2	3644.1	5377.4	2616.6	2902.2	4468.3	2551.3	3273.6	5129.8

[1233]

[1234] 4L/PS-NA 마우스에서의 사포신 C(SapC)/액틴 수준은 4L 또는 야생형 마우스의 앞뇌, 중간뇌 및 마름뇌에서 관찰된 것보다 낮았다(표 24). SapC 수준은 야생형 마우스의 뇌에서 증가하였으며, 최고 수준은 18주령에서 정량화되었다(표 24).

표 24

GBA-관련 질환 마우스 모델에서 평균 SapC 수준(SapC/액틴)

[1235]

동물 모델	5 주			12 주			18 주		
	뇌의 영역			뇌의 영역			뇌의 영역		
	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌
4L/PS-NA	232.1	289.6	430.6	315.8	432.1	523.3	227.5	552.8	591.4
4L 대조군	748.6	1102.9	1769.3	844.2	1486.5	1506.3	646.5	1123.6	1546.4
야생형	1500.3	2283.3	3087.9	1662.3	1971.0	2968.9	1656.3	2143.9	3253.1

[1236] 5-주령, 12주령 및 18주령에서, 4L/PS-NA(GCase 및 프로사포신 감소 모델), 4L 대조군(GCase 감소 모델) 및 야생형(정상 GCase 및 프로사포신) 마우스의 앞뇌, 중간뇌 및 마름뇌 조직 절편에서 GCase 활성을 또한 측정하였다(표 7).

[1237] 5주령에서, 야생형 마우스와 비교하여 상당한 GCase 결손이 있는 4L/PS-NA 및 4L 대조군 마우스 모두에서 감소된 GCase 활성이 확인되었다. GCase 활성은 4L/PS-NA와 4L 대조군 마우스 간에 유의미한 차이가 없었다(표 7).

표 7

GBA-관련 질환 마우스 모델 에서 평균 GCase 활성 [㎖당 RFU]

[1238]

동물 모델	5 주			12 주			18 주		
	뇌의 영역			뇌의 영역			뇌의 영역		
	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌
4L/PS-NA	4318.36	6448.92	5581.51	6343.1	6423.7	5386.7	4109.2	6466.4	5981.6
4L 대조군	4442.15	5614.69	5598.62	4969.0	4640.2	6798.4	5837.2	5915.6	8310.4
야생형	9531.29	10448.20	10520.70	8379.2	7596.1	9286.1	5488.1	9730.8	8227.2

[1239] 유사하게는, 12주령 및 18주령 마우스에서, 야생형 마우스와 비교하여 상당한 GCase 결손이 있는 4L/PS-NA 및 4L 대조군 마우스 모두에서 감소된 GCase 활성이 정량화되었다(표 7). GCase 활성은 또한 12주령 및 18주령에서 4L/PS-NA와 4L 대조군 마우스 간에 유의미한 차이가 없었다(표 7).

[1240] 또한, 5-주령, 12주령 및 18주령에서, GBA 기질 수준, 특히 글루코실스핑고신(GlcSph) 및 글루코실세라마이드(GlcCer)를 4L/PS-NA(GCase 및 프로사포신 감소 모델), 4L 대조군(GCase 감소 모델) 및 야생형(정상 GCase 및 프로사포신) 마우스의 앞뇌, 중간뇌 및 마름뇌 조직 절편에서 LC-MS/MS에 의해 측정하고, 액틴으로 정규화하였다. 표 25에 나타낸 바와 같이, GlcSph 수준의 가장 큰 증가는 야생형 마우스에 비해 4L/PS-NA 마우스의 뇌, 이어서 4L-대조군 마우스의 뇌에서 관찰되었다. 추가적으로, 4L/PS-NA 마우스 뇌 및 4L 대조군 마우스 뇌에서의 GlcSph 수준은 나이가 들면서 증가하였고, 앞뇌 또는 중간뇌와 비교하여 마름뇌에서 더 높은 수준으로 관찰되었다. 이들 데이터는 위에서 측정된 바와 같이 이들 마우스에서 감소된 GCase 활성 및 감소된 GBA 수준의 효과를 보여준다.

표 25

GBA-관련 질환 마우스 모델에서 평균 글리코실스핑고신 수준(GlcSph/액틴)

동물 모델	5 주			12 주			18 주		
	뇌의 영역			뇌의 영역			뇌의 영역		
	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌
4L/PS-NA	1086.1	1050.9	1384.0	1792.6	1897.0	2543.6	2571.0	3113.1	5672.8
4L 대조군	268.0	317.0	308.7	404.5	435.2	520.1	465.8	453.4	455.1
야생형	0	0	0	0	0	0	0	0	0

[1241]

[1242] 표 26에 나타낸 바와 같이, GlcCer의 수준은 4L/PS-NA 마우스의 뇌에서 증가하였으며, 수준은 앞뇌 및 중간뇌와 비교하여 마름뇌에서 더 높았다. GlcCer의 수준은 또한 4L/PS-NA 마우스의 뇌에서도 18주령에 더 높았다. 이들 데이터는 또한 위에서 측정된 바와 같이 이들 마우스에서 감소된 GCase 활성 및 감소된 GBA 수준의 효과를 뒷받침한다.

표 26

GBA-관련 질환 마우스 모델에서 평균 글루코실세라마이드(GlcCer) 18:1/18:0/액틴

동물 모델	5 주			12 주			18 주		
	뇌의 영역			뇌의 영역			뇌의 영역		
	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌	앞뇌	중간뇌	마름뇌
4L/PS-NA	2179.2	1875.6	2247.5	7894.8	6425.0	12123.0	14774.5	15368.6	25601.5
4L 대조군	695.8	528.6	454.7	703.2	547.7	488.9	738.6	627.3	545.8
야생형	510.4	361.9	332.2	375.6	359.0	355.7	517.9	439.6	374.2

[1243]

[1244] 종합하면, 이들 데이터는, 예를 들어, 위의 표 18 내지 표 21 또는 표 29 내지 표 32에 기재된 바와 같은 GBA 단백질을 암호화하는 바이러스 작제물, 예를 들어, 작제물 GBA_VG1-GBA_VG34의 효능을 평가하기 위한 신경병성 고셔병의 모델로서의 4L/PS-NA 마우스의 사용을 뒷받침한다.

[1245] **실시예 11: 예시적인 리드 확인**

[1246] *A. 야생형 및 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체의 생성*

[1247] GBA 단백질, 예를 들어, 강화 요소를 추가로 포함하지 않는 야생형 GBA 단백질(wtGBA); 또는 본 명세서에 기재된 강화 요소, 예를 들어, 프로사포신 단백질, SapC 단백질 또는 이들의 기능적 변이체를 추가로 포함하는 향상된 GBA 단백질(enGBA); 세포 침투 펩타이드(예를 들어, ApoEII 펩타이드, TAT 펩타이드 및/또는 ApoB 펩타이드) 또는 이들의 기능적 변이체; 라이소솜 표적화 신호(LTS) 또는 이들의 기능적 변이체; 또는 이들의 조합(enGBAcombo)의 AAV 전달을 위한 바이러스 게놈을 설계하였다. 강화 요소가 있거나 없는 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 5' ITR에서 3' ITR까지의 뉴클레오타이드 서열의 바이러스 게놈 작제물은 본 명세서에서 GBA_VG1-GBA_VG33으로 제공되며, 이들은 각각 서열번호 1759 내지 1771, 1809 내지 1828 또는 1870이다. 이들 작제물은 또한 표 18뿐만 아니라 표 19 내지 표 21 및 표 29 내지 표 32에 요약되어 있다.

[1248] 이들 바이러스 게놈 작제물 각각은 GBA 단백질을 암호화하는 이식유전자를 포함하는 핵산을 포함한다. 이식유전자는 GBA(서열번호 1777)를 암호화하는 야생형 뉴클레오타이드 서열, 또는 GBA 단백질을 암호화하는 2개의 상이한 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열인 서열번호 1773 또는 1781 중 하나를 포함하도록 설계하였다. GBA의 발현을 위한 이들 바이러스 게놈 작제물을 설계함에 있어서, CMV 프로모터(서열번호 1833); CMVie 인핸서 및 CMV 프로모터(각각 서열번호 1831 및 1832); CMVie 인핸서 및 CBA 프로모터(각각 서열번호 1831 및 1834); 또는 EF-1a 프로모터 변이체(서열번호 1839 또는 1840)를 포함하는 여러 프로모터(예를 들어, 표 5에 기재된 프로모터)를 선택하고 테스트하였다.

[1249] 바이러스 게놈 작제물 중 일부는 서열번호 1842의 인트론 영역; 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열

(서열번호 1850, 1851 또는 1852); 및/또는 스페이서(서열번호 1848)에 의해 분리된 miR183 결합 부위(서열번호 1847) 또는 miR183 결합 시리즈(서열번호 1849)의 4개의 카피를 추가로 포함하였다. 바이러스 작제물은 서열번호 1829의 5' ITR; 및 서열번호 1830의 3' ITR을 포함하였다. 폴리아데닐화 서열(서열번호 1846)은 설계된 모든 바이러스 게놈 작제물에 걸쳐 동일하였다.

[1250] GBA 단백질을 암호화하는 야생형 GBA 바이러스 게놈 변이체를 기재된 바와 같이 제조하고 표 18 내지 표 21 또는 표 29 내지 표 32에 요약하였다(예를 들어, GBA_VG1, GBA_VG17-GBA_VG21, GBA_VG26 및 GBA_VG33; 서열번호 1759, 1812 내지 1816, 1821 및 1828).

[1251] 본 명세서에 기재된 GBA 단백질 및 강화 요소(예를 들어, 표 4 또는 표 16의 강화 요소)를 암호화하는 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체를 제조하고 표 18에 요약하였다(GBA_VG2-GBA_VG16, GBA_VG22-GBA_VG25, GBA_VG27-GBA_VG32; 서열번호 1760 내지 1771, 1809 내지 1811, 1817 내지 1820, 1822 내지 1827). 향상된 바이러스 게놈을 프로사포신 단백질(서열번호 1859에 의해 암호화됨); 사포신 C 단백질 또는 기능적 변이체(서열번호 1787 또는 1791에 의해 암호화됨); ApoEII 펩타이드를 포함하는 세포 침투 펩타이드(서열번호 1797에 의해 암호화됨), TAT 단백질(서열번호 1793에 의해 암호화됨) 또는 ApoB 펩타이드(서열번호 1795에 의해 암호화됨); 라이소솜 표적화 신호(LTS)(임의의 서열번호 1799, 1801, 1803, 1805 또는 1807에 의해 암호화됨); 또는 이들의 조합을 포함하는 강화 요소를 추가로 암호화하도록 설계하였다. 향상된 바이러스 게놈 작제물 중 일부는 신호 서열을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 서열번호 1856) 및/또는 링커(예를 들어, 서열번호 1724, 1726 또는 1730)을 추가로 포함한다. 예를 들어, 프로사포신 단백질 또는 사포신 C 단백질을 암호화하는 일부 작제물은 퓨린 및/또는 T2A 절단 부위(각각 서열번호 1724 또는 1726에 의해 암호화됨)와 같은 절단 가능한 링커를 암호화한다. 예를 들어, 세포 침투 펩타이드를 암호화하는 일부 작제물은 가요성 글리신-세린 링커(서열번호 1730에 의해 암호화됨)를 암호화한다.

[1252] 추가적인 강화 요소(예를 들어, 사포신 단백질, 라이소솜 표적화 서열, 세포 침투 서열 또는 이들의 조합) 없이 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 바이러스 작제물 GBA_VG1(서열번호 1759)을, 예를 들어, 본 명세서에 기재된 실험에서 참조 또는 벤치마크 작제물로 사용하였다.

[1253] *B. 페이로드 발현의 시험관내 평가*

[1254] 벡터화 전에, 야생형 및 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체를 검정 및 세포-시스템과 같으나 이에 제한되지 않는 리드 확인 연구를 수행하는 데 필요한 도구를 검증하는 데 먼저 사용하였다.

[1255] GBA_VG1(GBA 단백질을 암호화하는 서열번호 1759), GBA_VG8(GBA 단백질 및 서열번호 1785의 프로사포신 단백질을 암호화하는 서열번호 1766), GBA_VG9(GBA 및 서열번호 1789의 사포신 C 단백질을 암호화하는 서열번호 1767) 및 GBA_VG10(GBA 단백질 및 서열번호 1758의 사포신 C 단백질을 암호화하는 서열번호 1768)을 포함하는 야생형 또는 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체 플라스미드 DNA로 형질감염된 HEK293 세포로부터 수집된 용해물에서 GBA(ng/mg 총 단백질) 및 SapC(ng/mg 총 단백질)를 정량화하기 위해 LC-MS/MS 검정을 확립하였다. 발현된 GBA의 존재를 확인하기 위해 용해물을 웨스턴 블롯 상에서 실행하였다.

[1256] 이러한 검증 실험은 야생형 또는 향상된 GBA 변이체 작제물 DNA로 세포를 형질감염시키면 형질감염되지 않은 세포의 용해물과 비교할 때 LC-MS/MS 및 웨스턴 블롯에 의해 결정된 바와 같이 용해물에서 측정된 GBA 또는 SapC가 증가한다는 것을 보여주었다.

[1257] *C. 시험관내 세포-시스템 평가 및 검증*

[1258] 추가적인 LC-MS/MS 검정을 사용하여 고셔병 환자 유래(GM04394-섬유아세포(GD1 환자), GM00852-섬유아세포(GD1 환자), GM00877-섬유아세포(GD2 환자) 또는 건강한 대조군(피부/서혜부 영역 유래 GM05758-섬유아세포 및 피부/불특정 영역 유래 GM02937-섬유아세포) 섬유아세포에서 GBA 기질(예를 들어, 도 1a에서 ng/mg 액틴으로 또는 도 1b에서 ng/mg Lamp 1로 정량화된 글리코스핑고지질(GlcSph))의 GCase 활성 및/또는 수준을 정량화하였다. 다시, 이러한 정량화를 웨스턴 블롯 분석으로 보완하였다.

[1259] 예상한 바와 같이, 도 1a에서 ng/mg 액틴으로 또는 도 1b에서 ng/mg Lamp 1으로 정량화된 GBA 기질 수준, 특히 글리코스핑고지질은 LC-MS/MS에 의해 측정하였을 때 대조군 섬유아세포 수준과 비교하여 3개의 고셔병 환자 유래 섬유아세포 샘플 모두에서 증가하였다(도 1a 내지 도 1b). 한편, GD 환자 섬유아세포에서의 GBA 단백질 검출(총 단백질(ng/mg 총 단백질)에 대한 세포 용해물의 GBA 농도로 측정됨)은 건강한 대조군과 비교하여 감소되었다(도 1c).

[1260] 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체로 형질감염된 고셔병 환자 유래 섬유아세포로부터 수집된 용해물에서 GCase 활성의 정량화는 단백질당 상대 형광 단위(Relative Fluorescence unit)(ng 단백질당 RFU)로 측정하였으며, 이는 정상 대조군의 평균과 비교할 때 96.5%, 98.4% 및 99.2%(각각 GM04394-섬유아세포, GM00852-섬유아세포, GM00877-섬유아세포)까지 감소되는 것으로 나타났다. 데이터는 아래 표 8에 나타나 있다.

표 8

고셔병 환자 유래 섬유아세포에서 평균 GCase 활성[ng 단백질당 RFU]

섬유아세포 세포주	GCase 활성
GM04394	465.53
GM00852	221.29
GM00877	109.44
GM05758(대조군)	14997.59
GM02937(대조군)	11750.07

[1261]

[1262] 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체로 형질감염된 고셔병 환자 유래 섬유아세포로부터 수집된 용해물에서 GBA 기질의 정량화는 글루코실스핑고신/Lamp1(ng/mg Lamp1)로 측정하였으며, 대조군과 비교할 때 증가되는 것으로 나타났다. 데이터는 아래 표 9에 나타나 있다.

표 9

고셔병 환자 유래 섬유아세포에서 평균 글리코실스핑고신(ng/mg Lamp1)

섬유아세포 세포주	글리코실스핑고신
GM04394	716.33
GM00852	710.67
GM00877	4348.00
GM05758(대조군)	146.00
GM02937(대조군)	134.5

[1263]

[1264] *D. AAV 입자로의 시험관내 패키징 및 캡시드 선택*

[1265] 야생형 및 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체(GBA_VG1 내지 GBA_VG13; 서열번호 1759 내지 서열번호 1771)를 AAV2 또는 AAV6 캡시드에 각각 패키징하였다.

[1266] 일련의 증가하는 MOI(1.00E1, 1.00E2, 1.00E3, 1.00E4, 1.00E5 및 1.00E6)로 AAV2 또는 AAV6에 패키징된 향상된 GBA 바이러스 게놈 변이체를 포함하는 AAV 입자가 세포에 형질도입되고 세포당 벡터 게놈이 정량화되는 시험관내 캡시드 선택 연구를 수행하였다. 형질도입 효율에 기초하여, 추가 연구를 위해 AAV2를 선택하였다.

[1267] *E. 시험관내 용량-범위 찾기 연구*

[1268] 참조 바이러스 게놈 GBA_VG1(서열번호 1759)을 포함하는 AAV 입자를 용량-범위 찾기 연구에서 스크리닝하였으며, 여기서 GCase 활성은 증가하는 일련의 MOI(1.00E1, 1.00E2, 1.00E3, 1.00E4, 1.00E5 및 1.00E6)로 세포를 형질도입한 후 정량화하였다. 이러한 결과에 기초하여, 추가 연구를 위해 1.00E3의 중간-범위 MOI를 선택하였다.

[1269] *F. 고셔병 환자 섬유아세포 세포에서 AAV2-GBA 형질도입*

[1270] 1.00E3의 MOI로 바이러스 게놈 GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG2(서열번호 1760), GBA_VG3(서열번호 1761), GBA_VG4(서열번호 1762), GBA_VG5(서열번호 1763), GBA_VG6(서열번호 1764), GBA_VG7(서열번호 1765)을 포함하는 AAV2-GBA 입자를 고셔병 환자 섬유아세포(GM00877-섬유아세포)에 투여하고, GCase 활성을 정량화하고, mg 단백질로 정규화하였다. 결과는 아래 표 10에 나타나 있다.

표 10

고셔병 환자 섬유아세포에서 GCase 활성

작제물 ID	서열번호	GCase 활성 [㎖당 RFU]
GBA_VG1	1759	9814.48
		16616.84
		3686.62
		3478.15
평균		**8399.02**
GBA_VG2	1760	6375.98
		3150.89
		7426.56
		-
평균		**5651.14**
GBA_VG3	1761	11580.6
		22812.97
		14152.31
		-
평균		**16181.96**
GBA_VG4	1762	10963.45
		11695.58
		7980.39
		-
평균		**10213.14**
GBA_VG5	1763	17076.48
		8665.12
		16343.61
		-
평균		**14028.40**

[1271]

GBA_VG6	1764	5117.13
		3391.47
		4177.62
		-
평균		**4228.74**
GBA_VG7	1765	9842.00
		9366.20
		13187.36
		-
평균		**10798.52**

[1272]

[1273] 웨스턴 블롯 분석은 AAV2-향상된 GBA 입자가 형질도입된 샘플에서 약 70kD의 성숙 GBA 단백질을 추가로 확인하였다. 무시해도 될 정도의 GBA가 AAV2-향상된 GBA 입자가 형질도입되지 않은 고셔병 환자 유래 섬유아세포 샘플에서 뚜렷하게 나타났다.

[1274] GBA 단백질, 및 사포신 C 단백질, 라이소솜 표적화 신호(LTS), 세포 침투 펩타이드(CPP) 또는 이들의 조합(예를 들어, 위의 표 18에 요약된 바와 같음)과 같은 강화 요소를 암호화하는 바이러스 게놈 작제물을 포함하는 추가적인 AAV2 입자를 고셔병(GD) 환자-유래 섬유아세포(GD-II GM00877)에서 $10^{3.5}$의 MOI에서 스크리닝하기 위해 벡터화하였다. 벡터화된 바이러스 게놈 작제물은 GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG9(서열번호 1767), GBA_VG10(서열번호 1768), GBA_VG11(서열번호 1769), GBA_VG6(서열번호 1764), GBA_VG7(서열번호 1765), GBA_VG12(서열번호 1770), GBA_VG3(서열번호 1761), GBA_VG4(서열번호 1762), GBA_VG5(서열번호 1763) 및 GBA_VG13(서열번호 1771)을 포함하였다. GCase 활성을 mg당 상대 형광 단위(mg 단백질당 RFU)로서 펠릿화된 환자 세포(도 2a) 및 상응하는 조건 배지(도 2b)에서 정량화하였다. 6개의 벡터화된 바이러스 게놈 작제물(GBA_VG9, GBA_VG6, GBA_VG7, GBA_VG3, GBA_VG4 및 GBA_VG5)을 이용한 처리는 펠릿화된 GD 환자 섬유아세포(도 2a) 및 상응하는 조

건 배지(도 2b)에서 측정된 GCase 활성의 증가를 초래하였다.

[1275] 그런 다음, LC-MS/MS 검정을 사용하여 AAV2 입자에 벡터화된 바이러스 게놈 작제물 GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG9(서열번호 1767), GBA_VG6(서열번호 1764), GBA_VG7(서열번호 1765), GBA_VG3(서열번호 1761), GBA_VG4(서열번호 1762) 및 GBA_VG5(서열번호 1763)가 형질도입된 GD II 환자-유래 섬유아세포로부터의 세포 용해에서 GBA 기질 글리코실스핑고신(GlcSph, ng/mg Lamp1)의 수준을 정량화하였다. 도 3에 도시된 바와 같이, GBA 기질 수준의 축적은 AAV가 없는 대조군과 비교하여 AAV2 GBA 벡터가 형질도입된 GD 환자-유래 섬유아세포에서 상당히 감소되었다. 데이터는 AAV-매개성 유전자 요법이 GBA 결핍과 관련된 질환을 치료하기 위해 GCase 활성을 증가시키는 데 효과적일 수 있음을 보여주었다.

[1276] **실시예 12: 강화 요소의 조합을 포함하는 AAV2 향상된 GBA 벡터**

[1277] GBA 단백질을 암호화하고(여기서, GBA 단백질은 서열번호 1777의 야생형 뉴클레오타이드 서열 또는 서열번호 1773의 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열에 의해 암호화됨), 세포 침투 펩타이드(CPP)(예를 들어, ApoEII), 라이소솜 표적화 서열(예를 들어, LTS2), SapC 단백질 또는 이들의 조합과 같은 강화 요소를 추가로 암호화하는 추가적인 바이러스 게놈 작제물을 생성하였다. 이들 작제물은 또한 CBA, CMV 또는 CAG 프로모터를 비롯한 상이한 프로모터를 포함하였다. 이러한 예시적인 GBA 바이러스 게놈 작제물은 표 18 내지 표 20에 포함되어 있다.

[1278] $10^{2.5}$(첫 번째 막대), 10^{3}(두 번째 막대), $10^{3.5}$ 및 10^{4}의 MOI로 다음 바이러스 게놈 작제물: GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG14(서열번호 1809), GBA_VG15(서열번호 1810), GBA_VG16(서열번호 1811), GBA_VG17(서열번호 1812), GBA_VG18(서열번호 1813), GBA_VG19(서열번호 1814) 및 GBA_VG20(서열번호 1815)을 포함하는 AAV2 벡터를 GD-II 환자 섬유아세포(GM00877)에 형질도입하였다. 형질도입 후 제7일에 처리된 환자 세포(도 4a)를 용해한 후 GCase 활성을 mg 단백질당 상대 형광 단위(mg 단백질당 RFU)로 정량화하였다. 도 4a에 도시된 바와 같이, 테스트된 모든 바이러스 게놈 작제물은 GD II 환자-유래 섬유아세포에서 GCase 활성의 용량-반응성 증가를 나타내었다. AAV2 벡터에 벡터화된 GBA 단백질을 암호화하는 서열번호 1773의 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열에 작동 가능하게 연결된 CAG 프로모터를 포함하는 GBA_VG20 작제물은 10^{4}의 MOI에서 GBA 단백질을 암호화하는 서열번호 1781의 뉴클레오타이드 서열에 작동 가능하게 연결된 CMVie 인핸서 및 CBA 프로모터를 포함하는 GBA_VG1 작제물과 비교하여 상당히 더 높은 GCase 활성을 나타내었다.

[1279] 그런 다음, LC-MS/MS 검정을 사용하여 AAV2 벡터에 벡터화된 바이러스 게놈 작제물 GBA_VG1(서열번호 1759), GBA_VG14(서열번호 1809), GBA_VG15(서열번호 1810), GBA_VG16(서열번호 1811), GBA_VG17(서열번호 1812), GBA_VG18(서열번호 1813), GBA_VG19(서열번호 1814) 및 GBA_VG20(서열번호 1815)이 형질도입된 GD II 환자-유래 섬유아세포로부터의 세포 용해에서 GBA 기질 글리코실스핑고신(GlcSph, ng/mg Lamp1)의 수준을 정량화하였다. 도 4b에 도시된 바와 같이, 테스트된 모든 바이러스 게놈 작제물은 GD 환자 세포 내에서 성공적인 표적 결합을 나타내는 감소된 GBA 기질 축적을 나타내었다.

[1280] **실시예 13: GBA 단백질을 암호화하는 야생형 및 코돈-최적화된 서열의 생물정보학 분석**

[1281] GBA 단백질을 암호화하는 바이러스 게놈 작제물을 구별하기 위해 서열 수준에 대한 생물정보학 분석을 수행하였으며, 여기서 GBA 단백질은 서열번호 1777의 야생형 뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 표 18에 나타낸 바와 같은 GBA_VG21의 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열), 서열번호 1773의 제1 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 표 18 내지 표 20에 나타낸 바와 같은 GBA_VG17의 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열) 또는 서열번호 1781의 제2 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열(표 18에 나타낸 바와 같은 GBA_VG1의 GBA 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열)에 의해 암호화된다. 간략하게는, mRNA-기반 서열 분석 도구(각각의 내용 전체가 참조에 의해 본 명세서에 원용되어 있는 문헌[Chang *et al.*, 2013, *BMC Bioinformatics*, 14, Suppl 2:S4; miRDB by Chen & Wang, 2020, *Nucleic Acids Res*, 48(D1): D127-D131]의 RegRNA 2.0)를 사용하여 GC 함량, RNA 접근성, miRNA 결합, 전사 모티프 및 스플라이싱 이벤트와 같은 서열-수준 구별 기준을 평가하였다.

[1282] miRNA 결합과 관련하여 miRDB(Chen & Wang, 2020, 상기 참조)를 사용하는 위의 분석에 기초하여, 일련의 추정상의 인식 부위가 서열번호 1773의 GBA 단백질(GBA_VG17)을 암호화하는 제1 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열을 갖는 작제물에서 발견되었다. 구체적으로, 서열번호 1773의 이 코돈-최적화된 서열은 4개의 높은 신뢰 히트를 포함하여 총 42개의 miRNA 결합 부위를 가졌다. 그 중, 21개의 부위가 GBA_VG1의 서열번호 1781의 제2 코돈 최적화된 서열과 구별되었고, 11개의 부위는 새로운 것으로 GBA_VG21의 서열번호 1777의 야생형 뉴클레오타이드 서열에 존재하지 않았다. 이는 표 11에 요약되어 있다. 제2 miRNA 분석 도구(상기 문헌[Chang et al., 2013]의

RegRNA 2.0)는 표 28에 나타낸 바와 같이 miRNA 결합 부위가 분석된 각 서열 코돈 최적화된 서열에 고유한 경향이 있음을 추가로 확인하였다.

표 11

miRNA 결합의 miRDB 요약

[1283]

	WT(서열번호 1777) 대 서열번호 1781	WT(서열번호 1777) 대 서열번호 1773	서열번호 1773 대 서열번호 1781	"고신뢰" miRNA
서열번호 1773(GBA_VG17) 고유	해당없음	30	21	4
야생형(서열번호 1777)(GBA_VG21) 고유	42	41	해당없음	1
서열번호 1781(GBA_VG1) 고유	27	해당없음	17	2
유사	11	12	21	0

표 28

miRNA 결합의 RegRNA 2.0 요약

[1284]

	WT(서열번호 1777) 대 서열번호 1781	WT(서열번호 1777) 대 서열번호 1773	서열번호 1773 대 서열번호 1781
서열번호 1781(GBA_VG1) 고유	3	해당없음	3
서열번호 1773(GBA_VG17) 고유	해당없음	2	3
WT(서열번호 1777)(GBA_VG21) 고유	6	6	해당없음
유사	0	1	0

[1285] 전사 모티프의 분석과 관련하여, GBA_VG17의 서열번호 1773의 제1 코돈-최적화된 서열은 총 70개의 부위를 가졌으며; 32개의 부위가 GBA_VG1의 서열번호 1781의 제2 코돈 최적화된 서열과 구별되었고, 54개의 부위는 새로운 것으로 GBA_VG21의 서열번호 1777의 야생형 서열에 존재하지 않았다(표 12).

표 12

조절 모티프의 RegRNA 2.0 요약

[1286]

	WT(서열번호 1777) 대 서열번호 1781	WT(서열번호 1777) 대 서열번호 1773	서열번호 1773 대 서열번호 1781
서열번호 1781(GBA_VG1) 고유	49	해당없음	24
서열번호 1773(GBA_VG17) 고유	해당없음	54	32
야생형(서열번호 1777)(GBA_VG21) 고유	39	34	해당없음
유사	11	16	38

[1287] 스플라이싱 이벤트 분석과 관련하여, GBA_VG17의 서열번호 1773의 제1 코돈-최적화된 서열은 총 5개의 부위를

가졌으며; 3개의 부위가 GBA_VG1의 서열번호 1781 GBA 서열의 제2 코돈-최적화된 서열과 구별되었고, 이들 3개 모두는 완전히 새로운 것으로 GBA_VG21의 서열번호 1777의 야생형 서열에 존재하지 않았다(표 13).

표 13

RegRNA 2.0 스플라이스 이벤트의 요약

	WT(서열번호 1777) 대 서열번호 1781	WT(서열번호 1777) 대 서열번호 1773	서열번호 1773 대 서열번호 1781
야생형(서열번호 1777)(GBA_VG21) 고유	6	6	해당없음
서열번호 1773(GBA_VG17) 고유	해당없음	5	3
서열번호 1781(GBA_VG1) 고유	3	해당없음	2
유사	1	0	2

[1288]

[1289] 제1 코돈 최적화된 서열(서열번호 1773)의 GC 함량을 제2 코돈 최적화된 서열(서열번호 1781) 및 야생형 서열(서열번호 1777)과 비교하였다. RNA 접근성 및 GC 함량의 경우, 야생형 GC 생체분포 패턴은 GBA_VG17의 서열번호 1773의 제1 코돈 최적화된 서열에서 유지되었다(도 5). 그러나, 서열번호 1781(GBA_VG1)의 제2 코돈 최적화된 서열은 뉴클레오타이드 서열의 전체 길이에 걸쳐 균형 잡힌 GC 함량을 가졌다(도 5).

[1290] 야생형 서열(서열번호 1777; GBA_VG21)과 관련하여 서열번호 1781(GBA_VG1) 및 서열번호 1773(GBA_VG17)에 대한 상동성 백분율은 표 14에 나타나 있다. GBA_VG17의 서열번호 1773의 제1 코돈-최적화된 서열은 각각 신호 서열이 있거나 없는 GBA_VG21의 서열번호 1777의 야생형 서열에 대해 약 80.6% 및 약 80.0%의 서열 상동성을 공유한다. GBA_VG1의 제2 코돈-최적화된 서열(서열번호 1781)은 각각 신호 서열이 있거나 없는 야생형 GBA 서열에 대해 약 81.3% 및 약 80.7%의 서열 상동성을 공유한다. GBA_VG17의 서열번호 1773의 제1 코돈-최적화된 서열은 각각 신호 서열이 있거나 없는 GBA_VG1의 서열번호 1781의 제2 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열과 관련하여 약 87.0% 및 약 86.3%의 서열 상동성을 갖는다. 서열번호 1777의 야생형 뉴클레오타이드 서열(GBA_VG21)에 비해 서열번호 1773의 제1 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열(GBA_VG17)에 도입된 131개의 고유한 돌연변이가 있었다. 서열번호 1781의 제2 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열(GBA_VG1)은 서열번호 1777의 야생형 뉴클레오타이드 서열(GBA_VG21)에 비해 120개의 고유한 돌연변이를 가졌다.

표 14

야생형 서열(서열번호 1777)에 대한 코돈 최적화된 서열(서열번호 1773 또는 1781)의 GC 함량 및 상동성 백분율

WT GBA에 대한 상동성 %					
cDNA 공급원	단일 서열 없음	단일 서열 있음	스플라이스 부위만	고유 돌연변이	G/C 함량 (WT 55%)
서열번호 1773(GBA_VG17)	80.6%	80.0%	4 bp 돌연변이	131	59%
서열번호 1781(GBA_VG1)	81.3%	80.7%	5 bp 돌연변이	120	58.5%
서열번호 1773 내지 서열번호 1781 (GBA_VG17/ GBA_VG1) %	87.0%	86.3%	3 bp 차이	190(유사)	

[1291]

[1292] **실시예 14: GBA 단백질을 암호화하는 야생형 및 코돈-최적화된 서열의 기능적 비교**

[1293] GBA 단백질의 GBA 발현 및 GCase 활성을 벡터화된 바이러스 게놈 작제물인 GBA 단백질을 암호화하는 제1 코돈 최적화된 서열(서열번호 1773)을 포함하는 GBA_VG17(서열번호 1812), GBA 단백질을 암호화하는 제2 코돈 최적화된 서열(서열번호 1781)을 포함하는 GBA_VG1(서열번호 1759) 및 GBA 단백질을 암호화하는 야생형 GBA 서열(서열번호 1777)을 포함하는 GBA_VG21(서열번호 1816)과 비교하였다.

[1294] GD-II 환자 섬유아세포(GD-II GM00877)를 $10^{4.5}$의 MOI로 다음 작제물: GBA_VG17(AAV2.GBA_VG17), GBA_VG1(AAV2.GBA_VG1) 또는 GBA_VG21(AAV2.GBA_VG21)을 포함하는 AAV2 벡터로 처리하고, GCase 활성을 mℓ당 RFU로 정량화하고, 총 단백질의 mg으로 정규화하였다. 도 6a에 도시된 바와 같이, AAV2.GBA_VG17은 AAV2.GBA_VG1 및 AAV2.GBA_VG21 처리된 세포에 비해 우수한 효소적 GCase 활성을 나타내었다. GCase 활성은 AAV가 없는 대조군에 비해 AAV2.GBA_VG17 처리된 GD 환자 세포에서 52.4배 더 높았고; 그러나 AAV가 없는 대조군에 비해 AAV2.GBA_VG21 및 AAV2.GB_VG1 처리된 GD 환자 세포에서는 각각 30.8배 및 32.9배만 더 높았다.

[1295] 그런 다음, GD-II 환자 섬유아세포(GD-II GM00877)를 10^{6}의 MOI로 다음 작제물: GBA_VG17(AAV2.GBA_VG17), GBA_VG1(AAV2.GBA_VG1) 또는 GBA_VG21(AAV2.GBA_VG21)을 포함하는 AAV2 벡터로 처리하고, 및 글루코실스핑고신 수준(세포 용해물 내 GlcSph(ng/mg Lamp1)) 및 GBA 기질 감소 활성을 LC-MS/MS에 의해 측정하였다. 도 6b에 나타낸 바와 같이, 테스트된 모든 작제물은 유사한 글루코실스핑고신 수준 및 GBA 기질 감소를 나타내었고, 이는 AAV가 없는 대조군에 비해 상당히 감소된 것이었다. AAV2.GBA_VG17, AAV2.GBA_VG1 및 AAV2.GBA_17 벡터로 처리된 이들 GD 환자 세포에 의해 암호화된 GBA 단백질의 발현을 웨스턴 블롯에 의해 확인하였다.

[1296] 종합하면, 이들 데이터는 AAV2 벡터화된 GBA_VG1 및 GBA_VG21에 비해 GBA 단백질을 암호화하는 서열번호 1773의 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 AAV2 벡터화된 GB_VG17(서열번호 1812)에 의한 더 높은 GCase 활성, 안정적인 GBA 단백질 발현 및 글루코실스핑고신 수준의 현저한 감소를 보여준다.

[1297] **실시예 15. 투여 경로 및 생산 플랫폼 비교 연구**

[1298] 본 실시예에서, HEK 및 Sf9-생산된 AAV9 벡터를 야생형 래트 뇌에서의 생체분포 및 GBA 발현에 대해 평가하였다. 벡터는 대조내(ICM) 또는 시상내(ITH) 전달에 의한 단일 투여 경로 또는 ICM과 ITH 전달의 조합을 포함하는 이중 투여 경로에 의해 동물에게 투여하였다.

[1299] HEK 및 SF9 세포에서 생성된 GBA_VG1(서열번호 1759)(AAV9.GBA_VG1)이 패키징된 AAV9 벡터를 야생형 래트에 주사하였다. 양측 ITH 투여의 경우, 7.5×10^{9} AAV9.GBA_VG1 바이러스 게놈을 각 반구의 시상에 주입하여 총 용량이 1.5 10^{9} 벡터 게놈이 되었다. ICM 주사의 경우, 1.5×10^{10} AAV9.GBA_VG1 바이러스 게놈을 주사하였다. 이중 ITH 및 ICM 투여의 경우, ICM 전달을 위해 1.5×10^{10} AAV9.GBA_VG1 바이러스 게놈을 주사하고, 양측 ITH 전달을 위해 각 반구의 시상에 7.5×10^{9} AAV9.GBA_VG1 바이러스 게놈을 주사하여, 총 용량은 3×10^{10} AAV9.GBA_VG1 바이러스 게놈이 되었다. 주사 4주 후, 바이러스 게놈의 생체 분포 및 중추신경계 및 말초 조직에서의 GCase 활성에 대해 래트의 뇌를 검정하였다.

[1300] 먼저, 모든 치료 그룹에 걸쳐 모든 동물은 안락사될 때까지(생후 4주) 수술 후 지속적으로 체중이 증가하였다. 일일 임상 관찰 결과 정상적인 건강한 대상체를 보여주었다. 따라서, 단일 투여 경로의 경우 1.5×10^{10} 및 조합 투여 경로의 경우 3×10^{10}의 선택된 용량 모두에서, 모든 동물은 AAV 치료제에 내약성이 있었다.

[1301] 야생형 래트의 뇌, 특히 시상, 해마 선조체 및 피질에서 HEK 및 Sf9 생산된 AAV9-GBA 벡터의 시상하부 투여 후 제28일에 바이러스 게놈 분포를 또한 평가하였다. 시상, 해마 및 선조체에서는, Sf9(약 3배 내지 6배 VG/세포 증가)에 비해 HEK-생산된 AAV9 벡터의 평균 생체분포가 더 높은 경향이 있었다. 피질에서는, HEK 및 Sf9 생산된 AAV9 벡터에 대해 유사한 평균 생체분포 프로파일이 관찰되었다. 이들 데이터는 래트에서 시상하부 투여 후 Sf9와 비교하여 HEK 플랫폼에 의해 생산된 AAV9-GBA 벡터의 증가된 생체분포를 보여준다.

[1302] 또한, 야생형 래트의 뇌에서 HEK 및 Sf9 생산된 AAV9-GBA 벡터의 시상하부 투여 후 제28일에 GCase 활성을 비교하였다. GCase 활성은 일반적으로 기준선에 비해 증가하였다. 그러나, 활성의 평균 증가는 시상(주사 부위)에서 가장 컸고(시상에서 Sf9 생산된 벡터의 경우 내인성에 비해 70% 그리고 HEK 벡터의 경우 내인성에 비해 20%), Sf9 생산된 벡터에 비해 평균 GCase 활성의 중간 정도의 증가가 HEK 생산된 벡터에서 관찰되었다. 낮거나 중간

정도의 증가가 앞뇌 및 중간뇌 영역(피질, 선조체 및 해마, 내인성에 비해 약 5% 내지 40%)에서 관찰되었다.

[1303] 종합하면, 이들 데이터는 양측 ITH AAV9.GBA_VG1 투여가 CNS 조직에서는 AAV VG의 성공적인 분포 및 야생형 래트의 뇌 내에서는 GBA의 과발현(내인성 GCase 활성에 비해 증가된 GCase 활성)을 초래하였음을 보여준다.

[1304] HEK 생산된 AAV9.GBA_VG1 벡터의 바이러스 게놈 분포 및 GCase 활성에 대한 투여 경로의 효과를 벡터의 ICM, ITH 또는 이중 ICM 및 ICM 전달 후 제28일에 평가하였다. ITH 그룹에서 상당히 높은 바이러스 게놈 분포가 ICM 또는 이중 ITH 및 ICM 투여와 비교하여 시상 및 해마를 포함하는 심부-뇌 구조에서 관찰되었다. 유사하게는, ICM 및 이중 ITH 및 ICM 투여와 비교하여 더 높은 바이러스 게놈 분포가 ITH 그룹에서 관찰되었다. 피질 조직의 경우, 이중 ITH 및 ICM 투여는 ITH 및 ICM 투여와 비교하여 상당히 더 높은 바이러스 게놈 생체분포를 초래하였다. 종합하면, AAV9-GBA 벡터의 ITH 전달은 ICM 및 이중 ITH + ICM 전달과 비교하여 심부-중간뇌 구조에서(특히 해마 및 시상에서) 더 높은 바이러스 게놈(VG) 생체분포 프로파일을 나타내었다. 또한, ITH 전달은 이중 ITH + ICM 주사로 인해 관찰된 앞뇌/중간뇌에서 VG 생체분포 프로파일을 유도하는 것으로 나타났다.

[1305] 마름뇌 조직의 경우, ICM 또는 이중 ITH 및 ICM 투여와 비교하여 ITH 그룹에서 상당히 더 높은 소뇌 바이러스 게놈 분포가 관찰되었다. 유사하게는, ICM 및 이중 ITH 및 ICM 투여와 비교하여 ITH 그룹의 뇌간에서 더 높은 바이러스 게놈 생체분포의 경향이 관찰되었다. 따라서, 앞뇌 및 중간뇌 구조와 유사하게, HEK 세포에 의해 생산된 AAV9-GBA_VG1 벡터의 ITH 전달은 ICM 및 이중 ITH 및 ICM 전달과 비교하여 마름뇌 구조에서 더 높은 바이러스 게놈 생체분포 프로파일을 나타내었다.

[1306] 활성과 관련하여 앞뇌 및 중간뇌 조직의 경우, 시상의 주사 부위에서 가장 높은 증가가 관찰되었다(ITH 전달 후 약 250%, 이중 ITH 및 ICM 투여 시 약 207%). 중간 정도의 증가가 피질에서 ITH 전달 후 관찰되었다(비히클 대조군과 비교하여 약 123%, 이중 ITH 및 ICM 투여 후 약 141%). ICM 투여의 경우, ICM 전달 후 시상(약 110%) 및 피질(약 91%)에서 최소한의 GCase 활성이 관찰되거나 또는 GCase 활성이 관찰되지 않았다. 조합 투여(ICM 및 ITH)는 피질에서 가장 높은 GCase 활성을 보였다(약 141%). 전반적으로, 바이러스 게놈 분포 결과 및 GCase 결과에 기초하여, ITH 투여는 시상 및 피질에서 GCase 활성의 증가를 유도하는 것으로 보인다. 추가적으로, 세포 생체분포당 AAV 게놈은 시상 및 피질에서 유사한 GCase 활성 경향을 보여준다.

[1307] 마름뇌 조직의 경우, 소뇌에서 ITH 주사 후 가장 높은 증가가 관찰되었고(약 178%), 소뇌에서 ICM 및 이중 ICM 및 ITH 전달 후 낮은 증가가 나타났다. 조합 투여 그룹은 소뇌 내에서 GCase 활성 판독값의 더 높은 증가를 나타내지 않았다. 전반적으로, 바이러스 게놈 분포 결과 및 GCase 결과에 기초하여, ITH 투여는 소뇌에서 GCase 활성의 증가를 유도하는 것으로 보이며, 세포 생체분포당 AAV 게놈은 소뇌에서 유사한 GCase 활성 경향을 나타낸다.

[1308] GCase 활성을 또한 CSF 유체에서 평가하였다. CSF GCase 활성의 다양한 수준의 증가가 상이한 투여 경로에서 관찰되었다. 구체적으로, 조합 투여(ITH 및 ICM)에 이어 ITH 전달에서 GCase 활성의 가장 높은 증가가 관찰되었고, ICM 전달에서는 중간 정도의 증가만이 관찰되었다. 이들 데이터는 래트에서 AAV에 의해 전달된 GBA 유전자 전달이 CSF에서 활성 GCase 생성물을 분비함을 보여주었다.

[1309] 이 실험은 시상하부 주사 및 이중 모드 주사가 CNS 조직 및 CSF에서 AAV-GBA 바이러스 입자의 보다 효율적인 전달 및 더 높은 GCase 발현/활성을 초래함을 보여주었다.

[1310] **실시예 16: GBA를 암호화하는 코돈 최적화된 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 벡터화된 바이러스 게놈의 생체내 평가**

[1311] 본 실시예는 야생형 C57BL/6 마우스에서 VOY101 캡시드(VOY101.GBA_VG17)에 벡터화된 GBA 단백질을 암호화하는 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1773)을 포함하는 바이러스 게놈 작제물 GB_VG17(서열번호 1812)의 분포 및 효능을 조사한다. VOY101은 IV 주사 후 혈액 뇌 장벽을 침투할 수 있는 캡시드 단백질이다.

[1312] 마우스에 2e13 VG/kg의 VOY101.GBA_VG17 또는 비히클 대조군을 측면 꼬리 정맥으로 정맥내 주사하였다. IV 주사 후 제28일에, 다양한 CNS 조직(예를 들어, 피질, 선조체, 해마, 시상, 소뇌, 뇌간 및/또는 척수) 및 말초 조직(예를 들어, 심장, 간 및/또는 비장)을 수확하여 바이러스 게놈(VG) 생체분포(VG/세포), GCase 활성 및 GBA mRNA 발현(이식유전자 특이적 및 내인성)을 측정하였다. 처리된 모든 동물은 건강하게 유지되었으며, VOY101.GBA_VG17로 처리된 마우스 및 비히클 대조군으로 처리된 마우스 간의 체중에 유의한 차이는 없었다.

[1313] VG 생체분포와 관련하여, 높은 수준(대략 >50 vg/세포)의 VOY101.GBA_VG17 분포가 앞뇌 및 중간뇌에 걸쳐 관찰되었다. 피질에서는, 81.31 VG/세포가 평균적으로 정량화되었고(범위: 약 75 vg/세포 내지 85 vg/세포); 선조체

에서는, 150.39 VG/세포가 평균적으로 정량화되었고(범위: 약 90 vg/세포 내지 330 vg/세포); 해마에서는, 152.91 VG/세포가 평균적으로 정량화되었고(범위: 약 70 vg/세포 내지 195 vg/세포); 시상에서는, 117.94 VG/세포가 평균적으로 정량화되었다(범위: 약 70 vg/세포 내지 190 vg/세포). 따라서, 성공적인 VOY101.GBA_VG17 유전자 전달은 앞뇌 및 중간뇌 영역에 걸쳐 달성되었다.

[1314] 유사하게는, 높은 수준(거의 >50 vg/세포)의 VOY101.GBA_VG17 분포가 마름뇌 및 척수(경추 영역)에 걸쳐 관찰되었다. 소뇌에서는, 65.77 VG/세포가 평균적으로 정량화되었고(범위: 약 23 vg/세포 내지 105 vg/세포); 뇌간에서는, 159.22 VG/세포가 평균적으로 정량화되었고(범위: 약 110 vg/세포 내지 305 vg/세포); 척수에서는, 176.29 VG/세포가 평균적으로 정량화되었다(범위: 약 95 vg/세포 내지 280 vg/세포). 따라서, 성공적인 VOY101.GBA_VG17 유전자 전달은 또한 마름뇌 및 척수에 걸쳐 달성되었다.

[1315] 말초 조직에서의 VG 생체분포와 관련하여, 검출 가능한 수준의 VOY101.GBA_VG17이 심장, 비장 및 간에서 관찰되었지만, CNS 조직에서 관찰된 수준보다 약 4배 내지 10배 더 낮았다. 심장에서는, 11.58 VG/세포가 평균적으로 정량화되었고(범위: 약 5 vg/세포 내지 21 vg/세포); 비장에서는, 29.99 VG/세포가 평균적으로 정량화되었고(범위: 약 7 vg/세포 내지 82 vg/세포); 간에서는, 18.76 VG/세포가 평균적으로 정량화되었다(범위: 약 5 vg/세포 내지 60 vg/세포).

[1316] GCase 활성(단백질의 ㎎으로 정규화된 RFU/㎖로 측정됨)과 관련하여, VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후 앞뇌 및 중간뇌는 기준선(비히클 대조군)에 비해 GCase 활성의 상당한 증가를 보여주었다. 피질에서 가장 높은 증가가 관찰되었다(비히클 대조군보다 4.86배 더 높음). 유사한 증가가 선조체(비히클 대조군보다 4.6배 더 높음) 및 시상(비히클 대조군보다 4.74배 더 높음)에서 관찰되었다. 따라서, 높은 VOY101.GBA_VG17 생체분포가 높은 앞뇌 및 중간뇌에서 GCase 활성의 상당한 증가가 관찰되었다. 유사하게는, VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후 마름뇌 구조는 기준선(비히클 대조군)에 비해 GCase 활성의 상당한 증가를 보여주었다. 소뇌는 비히클 대조군보다 4.04배 더 높은 GCase 활성을 보여주었고, 뇌간은 비히클 대조군보다 5.26배 더 높은 GCase 활성을 보여주었다. 따라서, VOY101.GBA_VG17 생체분포가 높은 마름뇌에서 GCase 활성의 상당한 증가가 관찰되었다. 전반적으로, 테스트된 모든 뇌 영역은 비히클 대조군에 비해 GCase 활성의 4배 내지 5배의 증가를 보였고, VOY101.GBA_VG17의 IV 전달은 적절한 CNS 조직에 걸쳐 GCase 활성을 성공적이고 균일하게 증가시켰다.

[1317] VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후 GCase 활성을 또한 간(단백질의 ㎎으로 정규화된 RFU/㎖로)에서 측정하였다. 간은 비히클 대조군에 비해 GCase 활성이 4.12배 증가하여, 비-CNS 조직에서 GBA 활성이 성공적으로 증가하였음을 보여준다.

[1318] CNS와 간 모두에서 정량화된 세포 및 조직 GCase 활성 수준에 더하여, VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후 뇌척수액(CSF) 및 혈청을 포함하는 마우스의 체액에서도 GCase 활성을 측정하였다. GCase 활성은 CSF와 비교하여 혈청에서 더 높았다. 비히클 처리된 대조군에 비해 GCase 활성의 5.9배 증가가 CSF에서 관찰되었고, 비히클 처리된 대조군에 대해 GCase 활성의 22.3배 증가가 혈청에서 관찰되었다. 이들 데이터는 활성 GCase이 VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후 세포외 구획에서 분비됨을 보여준다.

[1319] GCase 활성 수준을 정량화하고, VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후 측정된 CNS 및 말초 조직 및 체액에서 비히클에 대한 활성의 배수 증가가 표 27에 요약하였다.

표 27

단백질의 mg 으로 정규화된 GCase 활성 수준(RFU/㎖당)의 요약

단백질의 mg 으로 정규화된 GCase 활성(RFU/㎖당)		비히클이 없는 대조군에 대한 GCase 활성의 배수 증가
피질	비히클	4.86
62246	12789	
선조체	비히클	4.64
32063	6898	
시상	비히클	4.74
40506	9061	
소뇌	비히클	4.04
36082	8926	
뇌간	비히클	5.26
44706	8495	
간	비히클	4.1
100123	24272	
CSF	비히클	5.9
3707	627	
혈청	비히클	22.3
6919	310	

[1320]

[1321] 내인성 및 이식유전자 특이적 GBA mRNA(페이로드) 발현 모두를 VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후에 피질, 시상 및 뇌간에서 정량화하였다. GBA mRNA를 기하평균(GAPDH, HPRT1, PPIA)으로 정규화된 1,000개의 전사체당 GBA mRNA 발현으로 정량화하였다. 내인성 GBA mRNA와 관련하여, 1000개의 전사체당 약 38개 내지 63개의 카피가 뇌 전반에 걸쳐 측정되었다. 보다 구체적으로, 피질, 시상 및 뇌간에서, 63.10개의 내인성 GBA mRNA/1,000개의 전사체, 38.81개의 내인성 GBA mRNA/1,000개의 전사체 및 38.95개의 내인성 GBA mRNA/1,000개의 전사체가 각각 정량화되었다. 이식유전자 특이적 GBA mRNA와 관련하여, 1000개의 전사체당 약 1314개 내지 1765개의 카피가 뇌 전반에 걸쳐 측정되었다. 피질, 시상 및 뇌간에서, 1314.39개의 이식유전자 특이적 GBA mRNA/1,000개의 전사체, 1547.21개의 이식유전자 특이적 GBA mRNA/1,000개의 전사체 및 1764.02개의 이식유전자 특이적 GBA mRNA/1,000개의 전사체가 각각 정량화되었다. 따라서, 피질, 시상 및 뇌간에서, 비히클 대조군과 비교하여 전사체 특이적 GBA mRNA가 각각 874배, 1032배 및 1244배 증가하였다. 따라서, GBA 단백질을 암호화하는 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1773)을 포함하는 이식유전자의 성공적인 전사는 혈액 뇌 장벽 침투 VOY101.GBA_VG17 벡터의 IV 주사 후 제28일에 뇌에서 달성되었다. 뇌에서 내인성 GBA mRNA 수준은 VOY101. GBA_VG17로 처리된 조직 및 비히클 대조군으로 처리된 조직에서 유사한 수준을 유지하였다. 이들 데이터는 VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후 CNS에서의 성공적인 이식유전자 전사 및 GBA 페이로드의 발현을 보여준다.

[1322] 내인성 및 이식유전자 특이적 GBA mRNA 발현 모두를 또한 VOY101.GBA_VG17의 IV주사 후에 간에서 정량화하였다. 간에서, 182.29개의 내인성 GBA mRNA/1,000개의 전사체가 정량화되었고(범위: 1,000개의 전사체당 약 188개 내지 240개), 처리된 마우스와 처리되지 않은 마우스 간에 내인성 GBA mRNA 수준에는 유의한 차이가 없었다. 간에서 약 1372.45개의 이식유전자 특이적 GBA mRNA/1000개의 전사체가 정량화되었고, GBA mRNA의 739배 증가가 비히클 대조군과 비교하여 처리된 마우스에서 관찰되었다. 이들 데이터는 VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후 간에서의 성공적인 이식유전자 전사 및 GBA 페이로드의 발현을 보여준다.

[1323] VOY101.GBA_VG17의 IV 주사 후 생체분포(VG/세포)와 GCase 활성(RFU/㎖, 단백질의 mg으로 정규화된 내인성 GCase 활성에 대한 배수) 사이의 관계를 또한 마우스의 피질, 선조체, 시상, 뇌간, 소뇌 및 간에서 평가하였다. CNS 조직에서, 내인성 GCase 활성에 비해 GCase 활성의 약 300배 내지 660%배 증가가 관찰되었고(도 8), 595개 내지 1825개의 이식유전자-특이적 GBA mRNA 카피/1000개의 전사체가 정량화되었다. 간에서, 그룹내 변동성이 있지만, 내인성 GCase 활성에 비해 GCase 활성의 180% 내지 850%배 증가가 측정되었으며, 1000개의 전사체당 약

330개 내지 2450개의 이식유전자 특이적 GBA mRNA 카피가 정량화되었다. 간에서 정량화된 GCase 수준을 더 낮은 VG/세포 수준의 CNS 조직과 유사하였다(도 8). 내인성에 비해 GCase 활성의 30% 내지 50%배 증가는 임상적으로 영향을 미칠 것으로 예상되었다. 따라서, VOY101.GBA_VG17의 정맥내 주사는 내인성에 비해 다양한 CNS 및 말초 조직에서 GCase 활성의 수준을 증가시킬 수 있었으며, 임상적으로 영향을 미치는 것으로 생각된 예측된 배수 증가보다 훨씬 높았다.

[1324] 위에 논의된 이들 데이터 중 일부는 아래 표 22에 요약되어 있다. 요약하면, GBA 단백질을 암호화하는 서열번호 1773의 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 VOY101.GBA_VG17은 CNS에서 높은 생체분포, CNS 및 말초 조직 및 체액에서 증가된 GCase 활성 및 성공적인 이식유전자 전사 및 발현을 보여주었다. 따라서, GBA_VG17은 신경병증성(CNS에 영향을 미침) 및 비신경병증성(비-CNS에 영향을 미침) 고셔병, GBA 유전자의 돌연변이와 관련된 PD 및 루이소체 치매와 같은 GBA 단백질 및/또는 GCase 활성의 결여와 관련된 장애의 치료에 사용될 수 있다.

표 22

2e13 vg/kg 의 VOY101.GBA_VG17 의 IV 주사 후 제 28 일에 피질, 시상, 뇌간 및 간에서의 VG 생체분포, GCase 활성, 및 GBA mRNA 데이터의 요약

[1325]

영역	VG/세포	GBA mRNA (내인성 GBA 에 비해)	GBA mRNA (비히클 기준선에 비해)	GCase 발현 (비히클 기준선에 비해)
피질	83.31	20.83	874	4.86
시상	117.94	39.87	1032	4.74
뇌간	159.22	45.29	1244	5.26
간	18.76	7.29	739	4.12

[1326] **실시예 17. 후근 신경절(DRG)에서 GBA 발현의 탈표적화**

[1327] 본 실시예는 상응하는 내인성 마이크로RNA인 miR183을 발현하는 후근 신경절(DRG) 뉴런에서 GBA 발현을 감소시키기 위한 miR183 결합 부위의 사용을 보여준다.

[1328] 바이러스 게놈 작제물인 GBA_VG33(서열번호 1828, 표 18 내지 표 19 및 표 21에 기재됨)은 GBA 단백질을 암호화하는 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1773) 및 각각 8개의 뉴클레오타이드 스페이서(서열번호 1848)에 의해 분리된 4개의 miR183 결합 부위(각각 서열번호 1847을 포함)를 포함하는 miR183 결합 부위 시리즈(서열번호 1849)를 포함한다. GBA_VG33을 또한 AAV2 벡터(AAV2.GBA_VG33)에 벡터화시켰다.

[1329] HEK293 세포를 GBA_VG33 작제물로 형질감염시키고, GBA 단백질 발현을 GBA 단백질을 암호화하는 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1773)을 포함하지만 miR183 결합 부위 시리즈는 포함하지 않는 GB_VG17 대조군 작제물(서열번호 1812)로 형질감염시킨 세포와 비교하였다. GBA_VG33 작제물 및 GBA_VG17 대조군 작제물로 형질감염 후 유사한 GBA 단백질 발현 수준이 관찰되었다. HEK293 세포를 또한 miR183 결합 부위 시리즈를 포함하는 GBA_VG33 작제물 또는 GBA_VG17 대조군 작제물로 공동 형질감염시키고, miR183 및 GBA 단백질 발현을 측정하였다. GBA_VG17 대조군과 miR183으로 공동 형질감염시킨 세포에 비해 GBA_VG33 작제물과 miR183으로 공동 형질감염시킨 HEK293 세포에서 상당한 감소가 관찰되었다. 이들 데이터는 miR183 결합 부위 시리즈를 포함하는 GBA_VG33 작제물이 상응하는 마이크로RNA(miR183)의 존재하에 GBA 발현을 감소시킬 수 있음을 보여주었다.

[1330] DRG에서 GBA 발현의 탈표적화를 또한 래트 배아 DRG 뉴런에서도 조사하였다. 래트 배아 DRG 뉴런에 $10^{3.5}$ 또는 $10^{4.5}$의 MOI로 AAV2.GBA_VG33(miR183 결합 부위 시리즈 포함) 또는 AAV2.GBA_VG17 대조군, 또는 AAV가 없는 대조군을 형질도입하였다. GCase 활성을 총 단백질의 mg당 RFU/mℓ로 측정하였다. 도 7에 도시된 바와 같이, GCase 활성은 테스트된 두 MOI 모두에서 AAV2.GBA_VG17로 형질감염된 것에 비해 AAV2.GBA_VG33이 형질도입된 래트 배아 DRG 뉴런에서 상당히 감소하였다. 또한, 두 MOI로 AAV2.GBA_VG33이 형질도입된 래트 배아 DRG 뉴런에서 측정된 GCase 활성의 수준은 AAV가 없는 대조군에서 측정된 GCase의 수준과 유사하였다.

[1331] 종합하면, 이들 데이터는 DRG에서 성공적인 GBA 발현 탈표적화가 GBA 단백질을 암호화하는 코돈-최적화된 뉴클레오타이드 서열(서열번호 1773) 및 miR183 결합 부위 시리즈(서열번호 1849)를 포함하는 GBA_VG33(서열번호 1828)로 달성되었음을 보여준다.

[1332] **IX. 동등물 및 범위**

[1333] 당업자라면 단지 일상적인 실험을 사용하여 본 명세서에 제공된 상세한 설명에 따른 특정 실시형태에 대한 많은 동등물을 인식하고 확인할 수 있을 것이다. 본 개시내용의 범위는 위의 상세한 설명으로 제한되는 것이 아니라, 오히려 첨부된 청구범위에 제시된 바와 같다.

[1334] 청구항에서, "단수형"은 달리 반대로 나타내거나 또는 달리 문맥으로부터 명백하지 않는 한 하나 초과를 의미할 수 있다. 그룹의 하나 이상의 구성원 사이에 "또는"을 포함하는 청구항 또는 설명은 그룹 구성원의 하나, 하나 초과 또는 모두가 반대로 나타내거나 또는 달리 문맥으로부터 명백하지 않는 한 주어진 생성물 또는 과정에 존재하거나, 이에 사용되거나 또는 그렇지 않으면 이와 관련되는 경우 충분한 것으로 간주된다. 본 개시내용은 정확하게 그룹의 하나의 구성원이 주어진 생성물 또는 과정에 존재하거나, 이에 사용되거나 또는 그렇지 않으면 이와 관련되는 실시형태를 포함한다. 본 개시내용은 그룹 구성원의 하나 초과 또는 모두가 주어진 생성물 또는 과정에 존재하거나, 이에 사용되거나 또는 그렇지 않으면 이와 관련되는 실시형태를 포함한다.

[1335] 또한, 용어 "포함하는"은 개방된 것으로 의도되며, 추가적인 요소 또는 단계의 포함을 허용하지만 이를 필요로 하지 않음에 유의하여야 한다. 따라서, 용어 "포함하는"이 본 명세서에 사용될 때, 용어 "이루어지는"도 포함되고 개시된다.

[1336] 범위가 주어지는 경우, 종점이 포함된다. 또한, 달리 명시되지 않거나 문맥 및 당업자의 이해로부터 명백하지 않는 한, 범위로서 표현되는 값은 문맥이 달리 명확히 지시하지 않는 한 범위의 하한 단위의 1/10까지 본 개시내용의 상이한 실시형태에 명시된 범위 내에서 임의의 특정 값 또는 하위범위를 가정할 수 있는 것으로 이해되어야 한다.

[1337] 또한, 선행 기술에 속하는 본 개시내용의 임의의 특정 실시형태는 임의의 하나 이상의 청구항으로부터 명시적으로 배제될 수 있음을 이해하여야 한다. 이러한 실시형태는 당업자에게 공지된 것으로 간주되므로, 이들은 배제가 본 명세서에 명시적으로 제시되지 않더라도 배제될 수 있다. 본 개시내용의 조성물의 임의의 특정 실시형태(예를 들어, 임의의 조성물, 치료적 또는 활성 성분; 임의의 생산 방법; 임의의 사용 방법; 등)는 선행 기술의 존재와 관련되는지 여부에 관계없이 임의의 이유로 임의의 하나 이상의 청구항으로부터 배제될 수 있다.

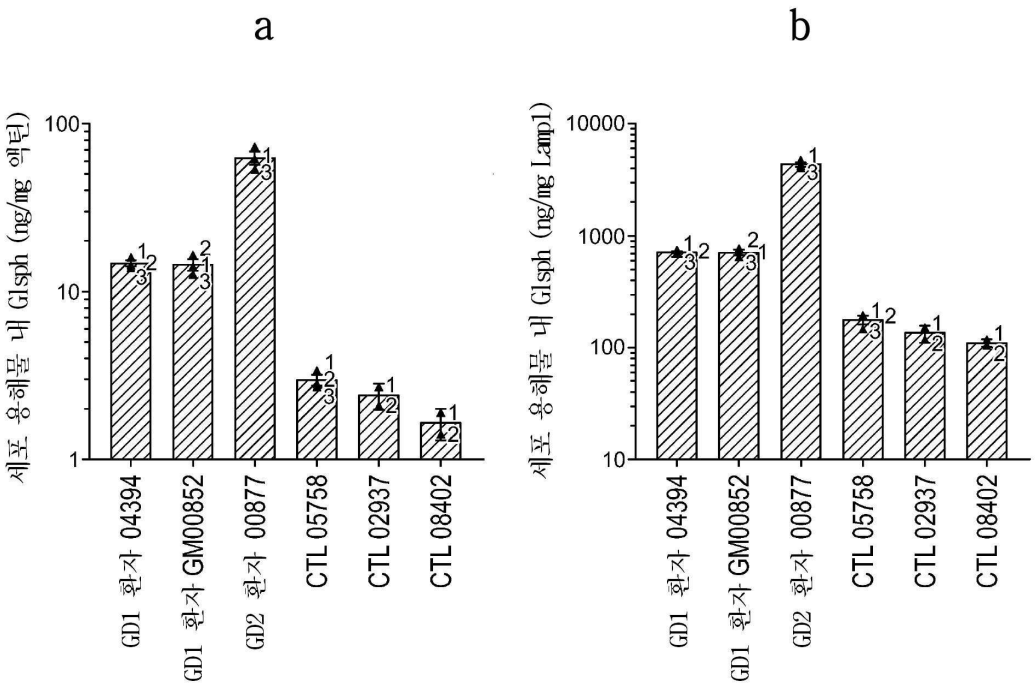
[1338] 사용된 단어는 제한이 아닌 설명의 단어이며, 더 넓은 양태에서 본 개시내용의 진정한 범주 및 사상을 벗어나지 않고 첨부된 청구범위의 범위 내에서 변경이 이루어질 수 있음을 이해하여야 한다.

[1339] 본 개시내용은 몇몇 기재된 실시형태와 관련하여 어느 정도 그리고 어느 정도 구체적으로 설명되었지만, 이는 임의의 이러한 세부사항 또는 실시형태 또는 임의의 특정 실시형태로 제한되어야 하는 것으로 의도되지 않지만 선행 기술의 관점에서 이러한 청구범위의 가장 넓은 가능한 해석을 제공하므로, 본 개시내용의 의도된 범위를 효과적으로 포함하기 위해 첨부된 청구범위를 참조하여 해석하여야 한다.

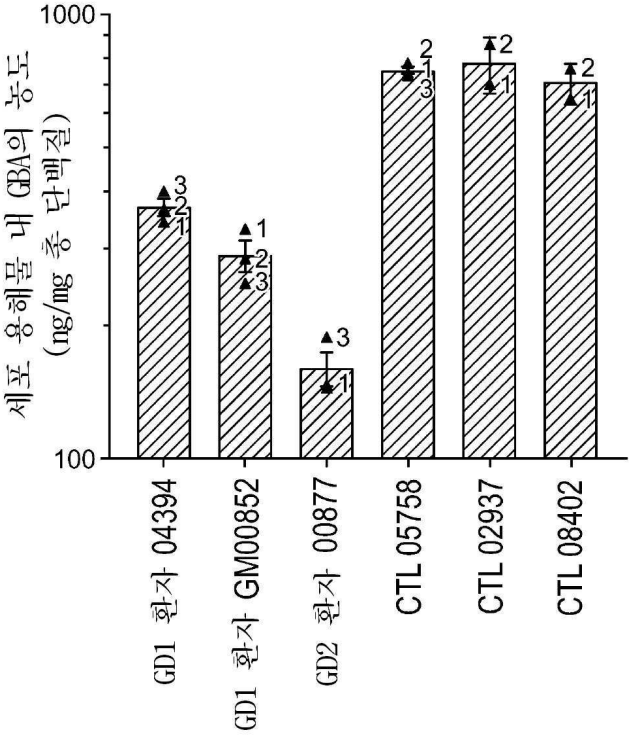
[1340] 본 명세서에 언급된 모든 간행물, 특허 출원, 특허 및 다른 참고문헌은 전체가 참조에 의해 원용된다. 상충되는 경우에, 정의를 포함하는 본 명세서가 우선할 것이다. 또한, 부문의 제목, 물질, 방법 및 예는 단지 예시적이며 제한하는 것으로 의도되지 않는다.

도면

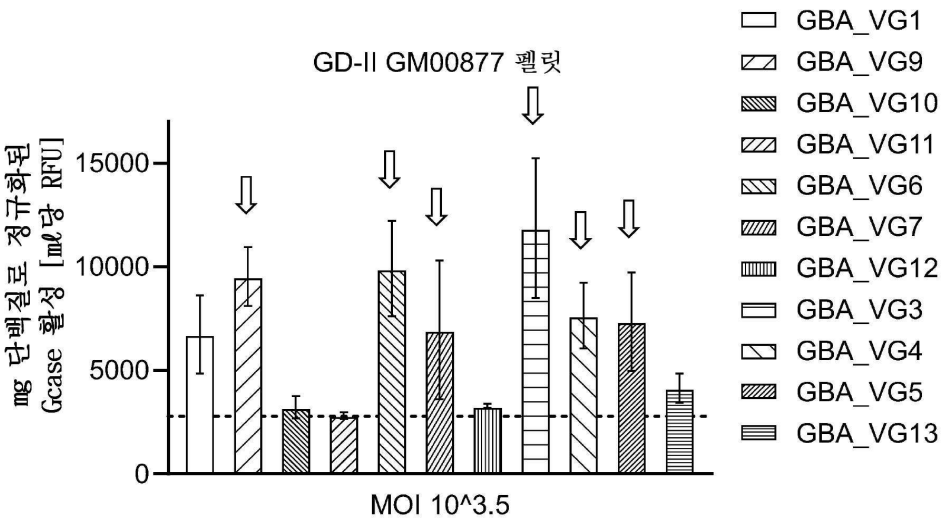
도면1ab



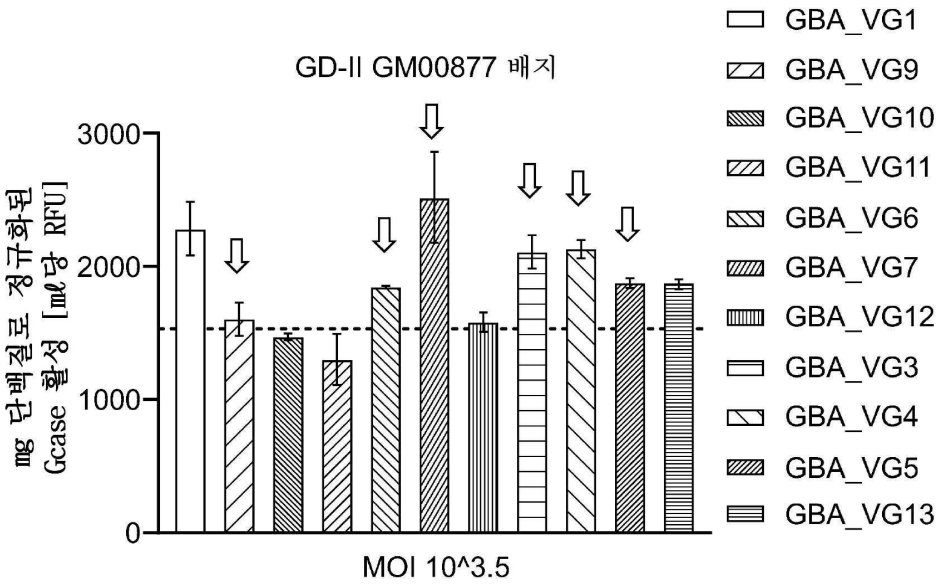
도면1c



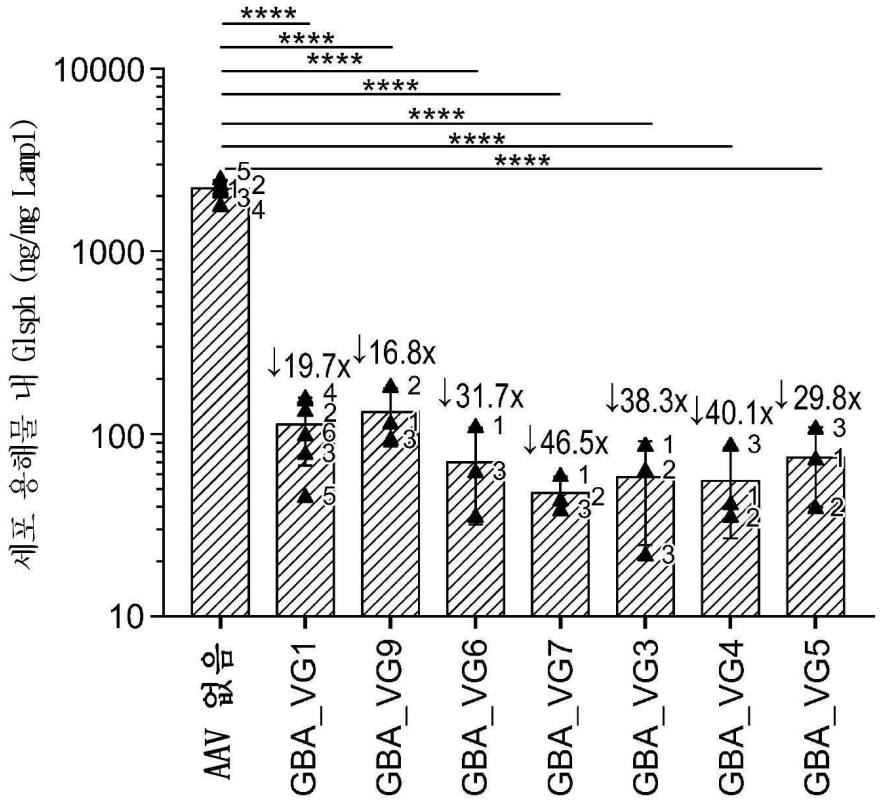
도면2a


GD-II GM00877 펠릿
mg 단백질로 정규화된 Gcase 활성 [㎖당 RFU]
15000
10000
5000
0
MOI 10^3.5
GBA_VG1
GBA_VG9
GBA_VG10
GBA_VG11
GBA_VG6
GBA_VG7
GBA_VG12
GBA_VG3
GBA_VG4
GBA_VG5
GBA_VG13

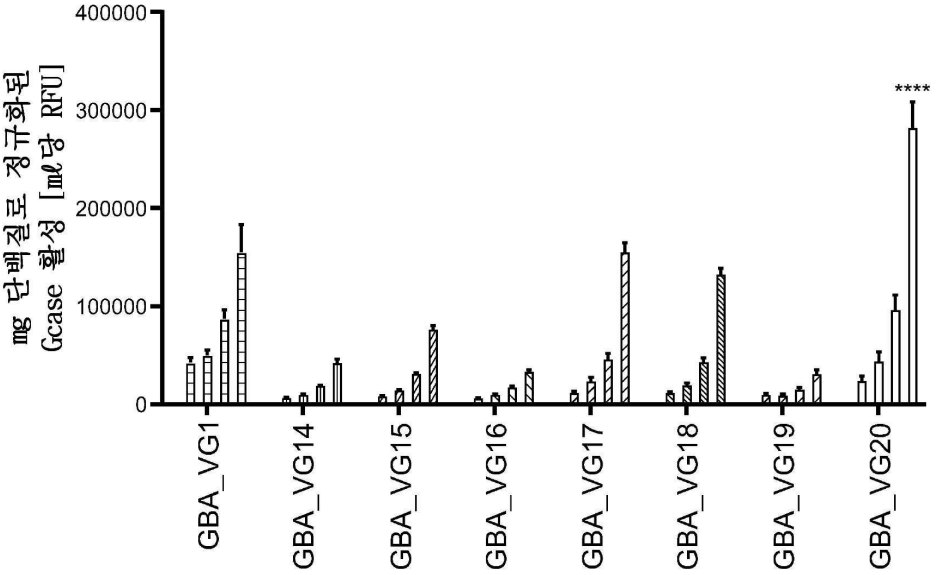
도면2b


GD-II GM00877 배지
mg 단백질로 정규화된 Gcase 활성 [㎖당 RFU]
3000
2000
1000
0
MOI 10^3.5
GBA_VG1
GBA_VG9
GBA_VG10
GBA_VG11
GBA_VG6
GBA_VG7
GBA_VG12
GBA_VG3
GBA_VG4
GBA_VG5
GBA_VG13

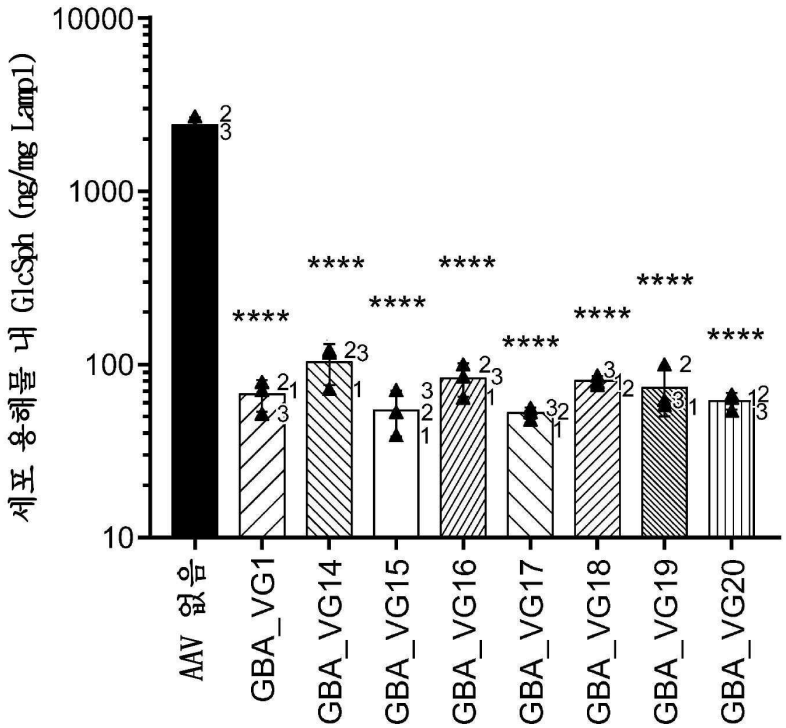
도면3


****
****
****
****
****
****
****
10000
1000
100
10
세포 용해물 내 Glsph (ng/mg Lampl)
↓19.7x
↓16.8x
↓31.7x
↓46.5x
↓38.3x
↓40.1x
↓29.8x
AAV 없음
GBA_VG1
GBA_VG9
GBA_VG6
GBA_VG7
GBA_VG3
GBA_VG4
GBA_VG5

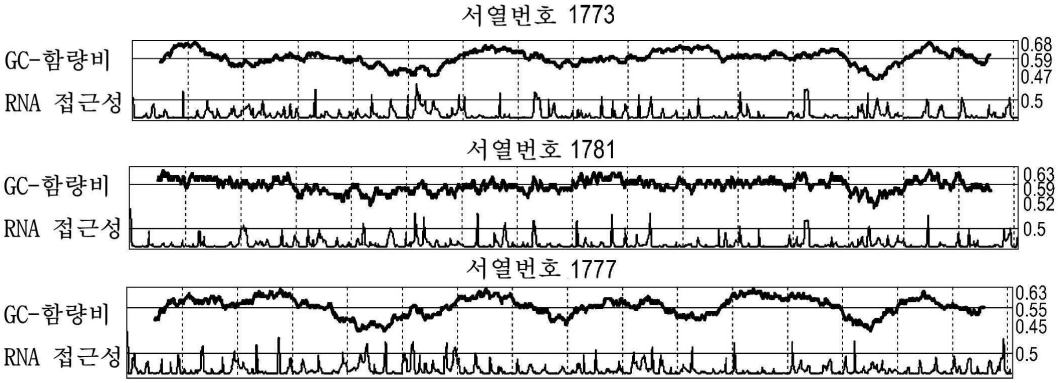
도면4a


400000
300000
200000
100000
0
mg 단백질로 정규화된
Gcase 활성 [㎖당 RFU]
****
GBA_VG1
GBA_VG14
GBA_VG15
GBA_VG16
GBA_VG17
GBA_VG18
GBA_VG19
GBA_VG20

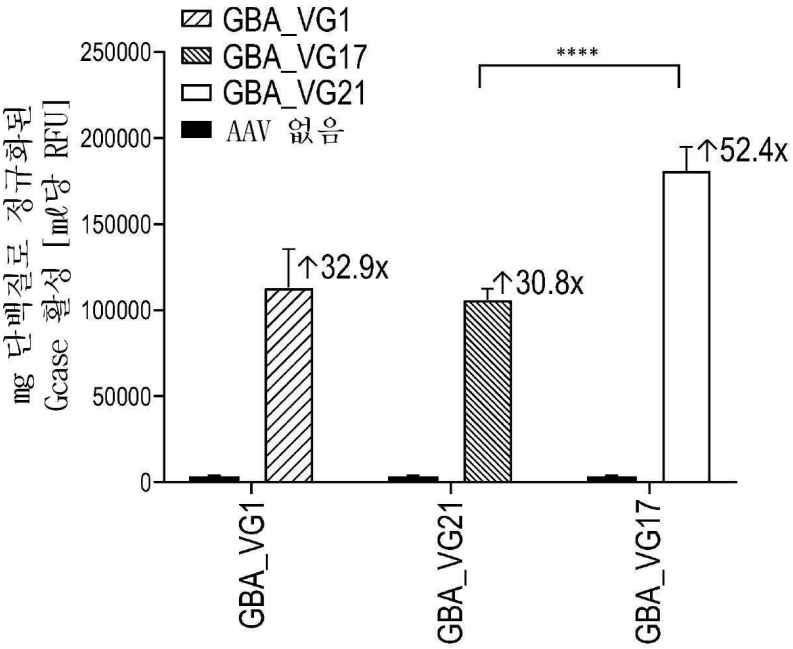
도면4b


세포 용해물 내 GlcSph (ng/mg Lamp1)
10000
1000
100
10
****
AAV 없음
GBA_VG1
GBA_VG14
GBA_VG15
GBA_VG16
GBA_VG17
GBA_VG18
GBA_VG19
GBA_VG20

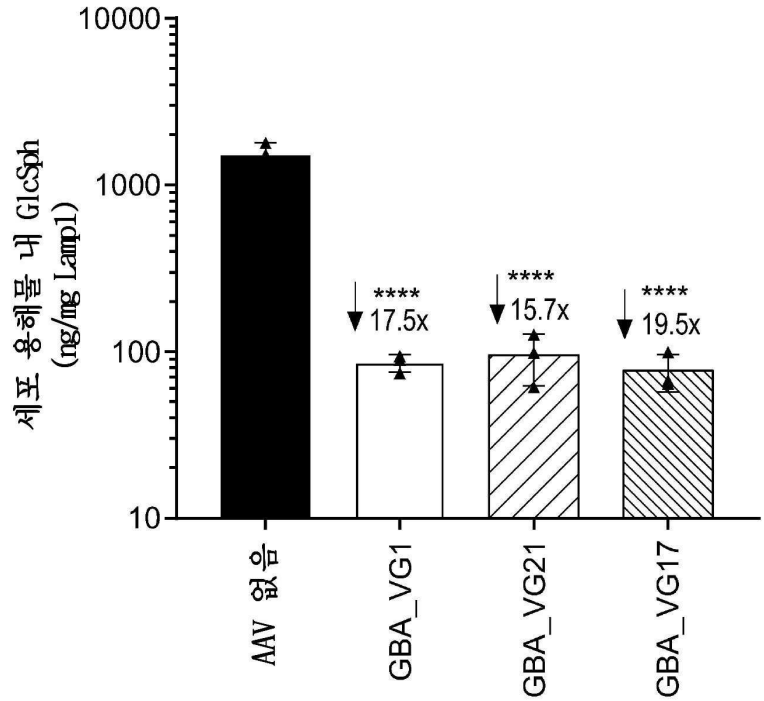
도면5


서열번호 1773
GC-함량비
RNA 접근성
0.68
0.59
0.47
0.5
서열번호 1781
GC-함량비
RNA 접근성
0.63
0.59
0.52
0.5
서열번호 1777
GC-함량비
RNA 접근성
0.63
0.55
0.45
0.5

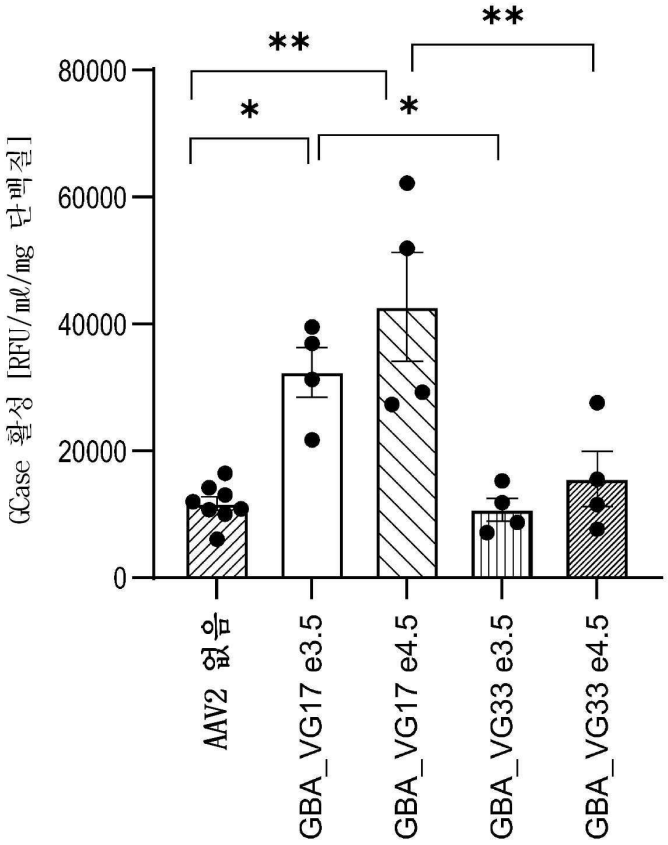
도면6a


GBA_VG1
GBA_VG17
GBA_VG21
AAV 없음
mg 단백질로 정규화된
Gcase 활성 [mℓ당 RFU]
250000
200000
150000
100000
50000
0
****
↑52.4x
↑32.9x
↑30.8x
GBA_VG1
GBA_VG21
GBA_VG17

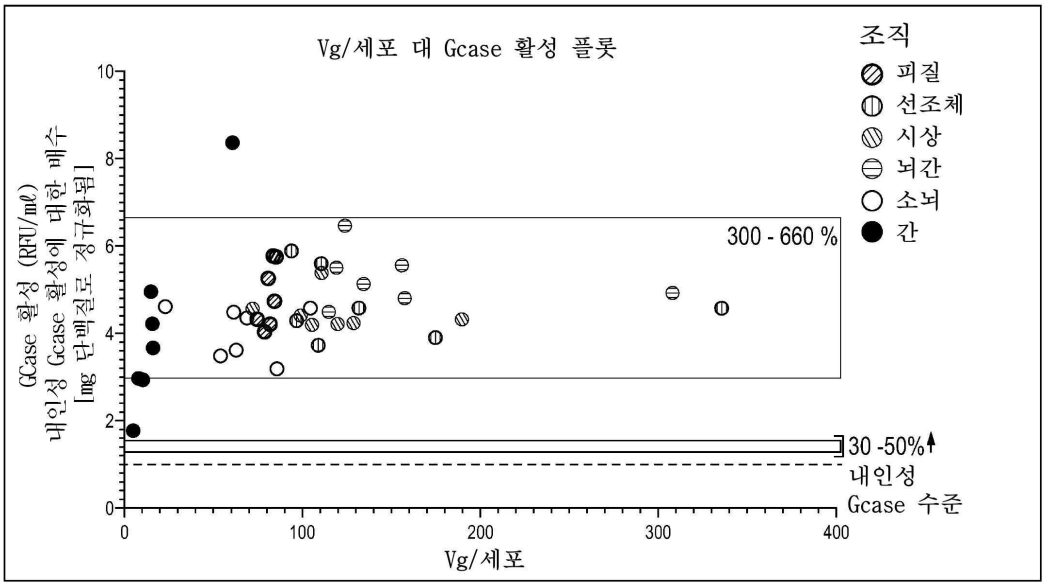
도면6b


세포 용해물 내 GlcSph
(ng/mg Lamp1)
10000
1000
100
10
****
17.5x
****
15.7x
****
19.5x
AAV 없음
GBA_VG1
GBA_VG21
GBA_VG17

도면7



도면8



서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> VOYAGER THERAPEUTICS, INC.

<120> COMPOSITIONS AND METHODS FOR THE TREATMENT OF NEUROLOGICAL DISORDERS RELATED TO GLUCOSYLCERAMIDASE BETA DEFICIENCY

<130> WO2022/026409

<140> PCT/US2021/043216

<141> 2021-07-26

<150> 63/057,265

<151> 2020-07-27

<160> 1873

<170> KoPatentIn 3.0

<210> 1

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Asp Gly Thr Leu Ala Val

580 585 590

Pro Phe Lys Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro
625 630 635 640
Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655
Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp
660 665 670
Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val
675 680 685
Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro
690 695 700
Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe

705 710 715 720
Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr
725 730 735
Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
740

<210> 2
<211> 2232
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 2
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtga tgggactttg gcggtgcctt ttaaggcaca ggcgcagacc 1800

ggctgggttc aaaaccaagg aatacttccg ggtatggttt ggcaggacag agatgtgtac 1860

ctgcaaggac ccatttgggc caaaattcct cacacggacg gcaactttca cccttctccg 1920

ctgatgggag ggtttggaat gaagcacccg cctcctcaga tcctcatcaa aaacacacct 1980

gtacctgcgg atcctccaac ggccttcaac aaggacaagc tgaactcttt catcacccag 2040

tattctactg gccaagtcag cgtggagatc gagtgggagc tgcagaagga aaacagcaag 2100

cgctggaacc cggagatcca gtacacttcc aactattaca agtctaataa tgttgaattt 2160

gctgttaata ctgaaggtgt atatagtgaa ccccgcccca ttggcaccag atacctgact 2220

cgtaatctgt aa 2232

<210> 3

<211> 2232

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 3

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaaactttg gcggtgcctt ttaaggcaca ggcgcagacc 1800

ggctgggttc aaaaccaagg aatacttccg ggtatggttt ggcaggacag agatgtgtac 1860

ctgcaaggac ccatttgggc caaaattcct cacacggacg gcaactttca cccttctccg 1920

ctgatgggag ggtttggaat gaagcacccg cctcctcaga tcctcatcaa aaacacacct 1980

gtacctgcgg atcctccaac ggccttcaac aaggacaagc tgaactcttt catcacccag 2040

tattctactg gccaagtcag cgtggagatc gagtgggagc tgcagaagga aaacagcaag 2100

cgctggaacc cggagatcca gtacacttcc aactattaca agtctaataa tgttgaattt 2160

gctgttaata ctgaaggtgt atatagtgaa ccccgcccca ttggcaccag atacctgact 2220

cgtaatctgt aa 2232

<210> 4

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 4

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Asp Gly Thr Leu Ala Val
580 585 590
Pro Phe Lys Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile
595 600 605
Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro
610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro
625 630 635 640
Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile
645 650 655
Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp
660 665 670
Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val
675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro
690 695 700
Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe
705 710 715 720
Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr
725 730 735
Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
740

<210> 5
<211> 743
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 5

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Thr Leu Ala Val

580 585 590

Pro Phe Lys Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp

660 665 670

Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val

675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe

705 710 715 720

Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 6

<211> 2232

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 6

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctctagaact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg taccggcaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaaactttg gcggtgcctt ttaaggcaca ggcgcagacc 1800

ggttgggttc aaaaccaagg aatacttccg ggtatggttt ggcaggacag agatgtgtac 1860

ctgcaaggac ccatttgggc caaaattcct cacacggacg gcaactttca cccttctccg 1920

ctgatgggag ggtttggaat gaagcacccg cctcctcaga tcctcatcaa aaacacacct 1980

gtacctgcgg atcctccaac ggccttcaac aaggacaagc tgaactcttt catcacccag 2040

tattctactg gccaagtcag cgtggagatc gagtgggagc tgcagaagga aaacagcaag 2100

cgctggaacc cggagatcca gtacacttcc aactattaca agtctaataa tgttgaattt 2160

gctgttaata ctgaaggtgt atatagtgaa ccccgcccca ttggcaccag atacctgact 2220

cgtaatctgt aa 2232

<210> 7

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 7

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Ile Gln Ser Ser Gln Thr Pro Arg Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 8

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 8

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Ile Ile Leu Gly Thr Gly Thr Ser Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Thr Arg Thr Asn

580 585 590

Pro Glu Ala Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp

660 665 670

Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val

675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe

705 710 715 720

Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 9

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 9

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Ile Ile Leu Gly Thr Gly Thr Ser Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Asn Gly Gly Thr

580 585 590

Ser Ser Ser Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp

660 665 670

Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val

675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro
690 695 700
Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe
705 710 715 720
Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr
725 730 735
Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
740

<210> 10
<211> 743
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 10
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Gln Ala Val Arg

580 585 590

Thr Ser Leu Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro
625 630 635 640
Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile
645 650 655
Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp
660 665 670
Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val
675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro
690 695 700
Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe
705 710 715 720
Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr
725 730 735
Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
740

<210> 11
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 11
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 12

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 12

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 13

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 1

<400> 13

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 14

<211> 4718

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 1

<400> 14

ttgcccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcggtgggg cctgcggacc aaaggtccgc 60

agacggcaga gctctgctct gccggcccca ccgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120

ggcaactcca tcactagggg taatcgcgaa gcgcctccca cgctgccgcg tcagcgctga 180

cgtaaattac gtcatagggg agtggtcctg tattagctgt cacgtgagtg cttttgcgac 240

attttgcgac accacgtggc catttagggt atatatggcc gagtgagcga gcaggatctc 300

cattttgacc gcgaaatttg aacgagcagc agccatgccg ggcttctacg agatcgtgat 360

caaggtgccg agcgacctgg acgagcacct gccgggcatt tctgactcgt ttgtgagctg 420

ggtggccgag aaggaatggg agctgccccc ggattctgac atggatctga atctgattga 480

gcaggcaccc ctgaccgtgg ccgagaagct gcagcgcgac ttcctggtcc aatggcgccg 540

cgtgagtaag gccccggagg ccctcttctt tgttcagttc gagaagggcg agtcctactt 600

ccacctccat attctggtgg agaccacggg ggtcaaatcc atggtgctgg gccgcttcct 660

gagtcagatt agggacaagc tggtgcagac catctaccgc gggatcgagc cgaccctgcc 720

caactggttc gcggtgacca agacgcgtaa tggcgccgga ggggggaaca aggtggtgga 780

cgagtgctac atccccaact acctcctgcc caagactcag cccgagctgc agtgggcgtg 840

gactaacatg gaggagtata taagcgcctg tttgaacctg gccgagcgca aacggctcgt 900

ggcgcagcac ctgacccacg tcagccagac ccaggagcag aacaaggaga atctgaaccc 960

caattctgac gcgcctgtca tccggtcaaa aacctccgcg cgctacatgg agctggtcgg 1020

gtggctggtg gaccggggca tcacctccga gaagcagtgg atccaggagg accaggcctc 1080

gtacatctcc ttcaacgccg cttccaactc gcggtcccag atcaaggccg ctctggacaa 1140

tgccggcaag atcatggcgc tgaccaaatc cgcgcccgac tacctggtag gccccgctcc 1200

gcccgcggac attaaaacca accgcatcta ccgcatcctg gagctgaacg gctacgaacc 1260

tgcctacgcc ggctccgtct ttctcggctg ggcccagaaa aggttcggga agcgcaacac 1320

catctggctg tttgggccgg ccaccacggg caagaccaac atcgcggaag ccatcgccca 1380

cgccgtgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaatgattg 1440

cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 1500

cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgcgtggac caaaagtgca agtcgtccgc 1560

ccagatcgac cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 1620

cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatttga 1680

actcacccgc cgtctggagc atgactttgg caaggtgaca aagcaggaag tcaaagagtt 1740

cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttctacg tcagaaaggg 1800

tggagccaac aaaagacccg cccccgatga cgcggataaa agcgagccca agcgggcctg 1860

cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtgg actttgccga 1920

caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 1980

gacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga cgagagactg 2040

ttcagagtgc ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 2100

gaaactctgt gccattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 2160

cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 2220

gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 2280

gcgagtggtg ggacttgaaa cctggagccc cgaagcccaa agccaaccag caaaagcagg 2340

acgacggccg gggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 2400

acaaggggga gcccgtcaac gcggcggacg cagcggccct cgagcacgac aaggcctacg 2460

accagcagct caaagcgggt gacaatccgt acctgcggta taaccacgcc gacgccgagt 2520

ttcaggagcg tctgcaagaa gatacgtctt ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 2580

aggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 2640

ctggaaagaa acgtccggta gagcagtcgc cacaagagcc agactcctcc tcgggcatcg 2700

gcaagacagg ccagcagccc gctaaaaaga gactcaattt tggtcagact ggcgactcag 2760

agtcagtccc cgatccacaa cctctcggag aacctccagc aacccccgct gctgtgggac 2820

ctactacaat ggcttcaggc ggtggcgcac caatggcaga caataacgaa ggcgccgacg 2880

gagtgggtaa tgcctcagga aattggcatt gcgattccac atggctgggc gacagagtca 2940

tcaccaccag cacccgcacc tgggccttgc ccacctacaa taaccacctc tacaagcaaa 3000

tctccagtgc ttcaacgggg gccagcaacg acaaccacta cttcggctac agcacccccct 3060

gggggtattt tgatttcaac agattccact gccacttttc accacgtgac tggcagcgac 3120

tcatcaacaa caattgggga ttccggccca agagactcaa cttcaaactc ttcaacatcc 3180

aagtcaagga ggtcacgacg aatgatggcg tcacaaccat cgctaataac cttaccagca 3240

cggttcaagt cttctcggac tcggagtacc agcttccgta cgtcctcggc tctgcgcacc 3300

agggctgcct ccctccgttc ccggcggacg tgttcatgat tccgcaatac ggctacctga 3360

cgctcaacaa tggcagccaa gccgtgggac gttcatcctt ttactgcctg gaatatttcc 3420

cttctcagat gctgagaacg ggcaacaact ttaccttcag ctacaccttt gaggaagtgc 3480

ctttccacag cagctacgcg cacagccaga gcctggaccg gctgatgaat cctctcatcg 3540

accaatacct gtattacctg aacagaactc aaaatcagtc cggaagtgcc caaaacaagg 3600

acttgctgtt tagccgtggg tctccagctg gcatgtctgt tcagcccaaa aactggctac 3660

ctggaccctg ttatcggcag cagcgcgttt ctaaaacaaa aacagacaac aacaacagca 3720

attttacctg gactggtgct tcaaaatata acctcaatgg gcgtgaatcc atcatcaacc 3780

ctggcactgc tatggcctca cacaaagacg acgaagacaa gttctttccc atgagcggtg 3840

tcatgatttt tggaaaagag agcgccggag cttcaaacac tgcattggac aatgtcatga 3900

ttacagacga agaggaaatt aaagccacta accctgtggc caccgaaaga tttgggaccg 3960

tggcagtcaa tttccagagc agcagcacag accctgcgac cggagatgtg catgctatgg 4020

gagcattacc tggcatggtg tggcaagata gagacgtgta cctgcagggt cccatttggg 4080

ccaaaattcc tcacacagat ggacactttc acccgtctcc tcttatgggc ggctttggac 4140

tcaagaaccc gcctcctcag atcctcatca aaaacacgcc tgttcctgcg aatcctccgg 4200

cggagttttc agctacaaag tttgcttcat tcatcaccca atactccaca ggacaagtga 4260

gtgtggaaat tgaatgggag ctgcagaaag aaaacagcaa gcgctggaat cccgaagtgc 4320

agtacacatc caattatgca aaatctgcca acgttgattt tactgtggac aacaatggac 4380

tttatactga gcctcgcccc attggcaccc gttaccttac ccgtcccctg taattacgtg 4440

ttaatcaata aaccggttga ttcgtttcag ttgaactttg gtctcctgtc cttcttatct 4500

tatcggttac catggttata gcttacacat taactgcttg gttgcgcttc gcgataaaag 4560

acttacgtca tcgggttacc cctagtgatg gagttgccca ctccctctct gcgcgctcgc 4620

tcgctcggtg gggcctgcgg accaaaggtc cgcagacggc agagctctgc tctgccggcc 4680

ccaccgagcg agcgagcgcg cagagaggga gtgggcaa 4718

<210> 15

<211> 3131

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 15

gcggccgcga attcgccctt ggctgcgtca actggaccaa tgagaacttt cccttcaatg 60

attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc aaggtcgtgg 120

agtccgccaa ggccattctc ggcggcagca aggtgcgcgt ggaccaaaag tgcaagtcgt 180

ccgcccagat cgaccccacc cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg tgcgccgtga 240

ttgacgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcctct ccaggaccgg atgtttaagt 300

tcgaactcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gacaaagcag gaagtcaaag 360

agttcttccg ctgggccagt gatcacgtga ccgaggtggc gcatgagttt tacgtcagaa 420

agggcggagc cagcaaaaga cccgcccccg atgacgcgga taaaagcgag cccaagcggg 480

cctgcccctc agtcgcggat ccatcgacgt cagacgcgga aggagctccg gtggactttg 540

ccgacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc acgcgggcat gcttcagatg ctgtttccct 600

gcaaaacgtg cgagagaatg aatcggaatt tcaacatttg cttcacacac ggggtcagag 660

actgctcaga gtgtttcccc ggcgtgtcag aatctcaacc ggtcgtcaga aagaggacgt 720

atcggaaact ccgtgcgatt catcatctgc tggggcgggc tcccgagatt gcttgctcgg 780

cctgcgatct ggtcaacgtg gacctggatg actgtgtttc tgagcaataa atgacttaaa 840

ccaggtatgg ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc 900

attcgcgagt ggtgggcgct gaaacctgga gccccgaagc ccaaagccaa ccagcaaaag 960

caggacgacg gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga 1020

ctcgacaagg gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggct 1080

tacgaccagc agctgcaggc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgccgacgcc 1140

gagtttcagg agcgtctgca agaagatacg tcttttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc 1200

ttccaggcca agaagcgggt tctcgaacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg 1260

gctcctggaa agaagagacc ggtagagcca tcaccccagc gttctccaga ctcctctacg 1320

ggcatcggca agaaaggcca acagcccgcc agaaaaagac tcaattttgg tcagactggc 1380

gactcagagt cagttccaga ccctcaacct ctcggagaac ctccagcagc gccctctggt 1440

gtgggaccta atacaatggc tgcaggcggt ggcgcaccaa tggcagacaa taacgaaggc 1500

gccgacggag tgggtagttc ctcgggaaat tggcattgcg attccacatg gctgggcgac 1560

agagtcatca ccaccagcac ccgaacctgg gccctgccca cctacaacaa ccacctctac 1620

aagcaaatct ccaacgggac atcgggagga gccaccaacg acaacaccta cttcggctac 1680

agcacccccct gggggtattt tgactttaac agattccact gccacctttc accacgtgac 1740

tggcagcgac tcatcaacaa caactgggga ttccgaccca agagactcag cttcaagctc 1800

ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgcag aatgaaggca ccaagaccat cgccaataac 1860

ctcaccagca ccatccaggt gtttacggac tcggagtacc agctgccgta cgttctcggc 1920

tctgtccacc agggctgcct gcctccgttc ccggcggacg tgttcatgat tccccagtac 1980

ggctacctaa cactcaacaa cggtagtcag gccgtgggac gctcctcctt ctactgcctg 2040

gaatactttc cttcgcagat gctgagaacc ggcaacaact tccagtttac ttacaccttc 2100

gaggacgtgc ctttccacag cagctacgcc cacagctaga gcttggaccg gctgatgaat 2160

cctctgattg accagtacct gtactacttg tctcggactc aaacaacagg aggcacggca 2220

aatacgcaga ctctgggctt cagccaaggt gggcctaata caatggccaa tcaggcaaag 2280

aactggctgc caggaccctg ttaccgccaa caacgcgtct caacgacaac cgggcaaaac 2340

aacaatagca actttgcctg gactgctggg accaaatacc atctgaatgg aagaaattca 2400

ttggctaatc ctggcatcgc tatggcaaca cacaaagacg acgaggagcg ttttttttccc 2460

agtaacggga tcctgatttt tggcaaacaa aatgctgcca gagacaatgc ggattacagc 2520

gatgtcatgc tcaccagcga ggaagaaatc aaaaccacta accctgtggc tacagaggaa 2580

tacggtatcg tggcagataa cttgcagcag caaaacacgg ctcctcaaat tggaactgtc 2640

aacagccagg gggccttacc cggtatggtc tggcagaacc gggacgtgta cctgcagggt 2700

cccatctggg ccaagattcc tcacacggac ggcaacttcc acccgtctcc gctgatgggc 2760

ggctttggcc tgaaacatcc tccgcctcag atcctgatca agaacacgcc tgtacctgcg 2820

gatcctccga ccaccttcaa ccagtcaaag ctgaactctt tcatcacgca atacagcacc 2880

ggacaggtca gcgtggaaat tgaatgggag ctgcagaagg aaaacagcaa gcgctggaac 2940

cccgagatcc agtacacctc caactactac aaatctataa gtgtggactt tgctgttaat 3000

acagaaggcg tgtactctga accccgcccc attggcaccc gttacctcac ccgtaatctg 3060

taattgcctg ttaatcaata aaccggttga ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga 3120

agggcgaatt c 3131

<210> 16

<211> 255

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 10

<400> 16

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc 60

accagcaccc gaacctgggt cctgcccacc tacaacaacc acatctacaa gcaaatctcc 120

agcgagacag gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 180

tttgacttta acagattcca ctgccacttt tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240

aacaactggg gattc 255

<210> 17

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 10

<400> 17

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Glu Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Ala Asn Thr Gly
580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 18

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 10

<400> 18

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 19

<211> 258

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 11

<400> 19

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc 60

accagcaccc gaacctgggc cctgccaacc tacaacaacc acctctacaa acaaatctcc 120

agcgcttcaa cgggggccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 180

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc 240

aacaacaact ggggattc 258

<210> 20

<211> 255

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 12

<400> 20

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgaccg agtcattacc 60

accagcaccc ggacttgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc 120

agccaatcgg gtgccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ttgggggtat 180

tttgatttca acagattcca ctgccatttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240

aacaactggg gattc 255

<210> 21

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 21

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 22

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 22

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 23
<211> 621
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2

<400> 23

```
Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1               5                  10                  15
Gly His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
            20                  25                  30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile
        35                  40                  45
Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu
    50                  55                  60

Thr Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65                  70                  75                  80
Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Met His Val Leu Val Glu
                85                  90                  95
Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
            100                 105                 110
Arg Glu Lys Leu Ile Gln Arg Ile Tyr Arg Gly Ile Glu Pro Thr Leu
        115                 120                 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
    130                 135                 140
Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145                 150                 155                 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Gln Tyr Leu
                165                 170                 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Thr Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
            180                 185                 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn
        195                 200                 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
    210                 215                 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Lys Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225                 230                 235                 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
```

245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270
Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Gln
275 280 285
Pro Val Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu Glu Leu
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320

Thr Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Thr Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Asp His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Lys Asp His Val Val Glu Val
465 470 475 480
Glu His Glu Phe Tyr Val Lys Lys Gly Gly Ala Lys Lys Arg Pro Ala
485 490 495

Pro Ser Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Val Arg Glu Ser Val
500 505 510

Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Ser Ile Asn Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540
Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Ser Asn Ile Cys
545 550 555 560
Phe Thr His Gly Gln Lys Asp Cys Leu Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu
565 570 575

Ser Gln Pro Val Ser Val Val Lys Lys Ala Tyr Gln Lys Leu Cys Tyr
580 585 590
Ile His His Ile Met Gly Lys Val Pro Asp Ala Cys Thr Ala Cys Asp
595 600 605
Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Ile Phe Glu Gln
610 615 620

<210> 24
<211> 4675
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 24
ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc 60

cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120
gccaactcca tcactagggg ttcctggagg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180
ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240
gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300
ggtttgaacg cgcagccgcc atgccggggt tttacgagat tgtgattaag gtccccagcg 360
accttgacgg gcatctgccc ggcatttctg acagctttgt gaactgggtg gccgagaagg 420
aatgggagtt gccgccagat tctgacatgg atctgaatct gattgagcag gcacccctga 480

ccgtggccga gaagctgcag cgcgactttc tgacggaatg gcgccgtgtg agtaaggccc 540
cggaggccct tttctttgtg caatttgaga agggagagag ctacttccac atgcacgtgc 600

tcgtggaaac caccggggtg aaatccatgg ttttgggacg tttcctgagt cagattcgcg 660

aaaaactgat tcagagaatt taccgcggga tcgagccgac tttgccaaac tggttcgcgg 720

tcacaaagac cagaaatggc gccggaggcg ggaacaaggt ggtggatgag tgctacatcc 780

ccaattactt gctccccaaa acccagcctg agctccagtg ggcgtggact aatatggaac 840

agtatttaag cgcctgtttg aatctcacgg agcgtaaacg gttggtggcg cagcatctga 900

cgcacgtgtc gcagacgcag gagcagaaca aagagaatca gaatcccaat tctgatgcgc 960

cggtgatcag atcaaaaact tcagccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctcgtggaca 1020

aggggattac ctcggagaag cagtggatcc aggaggacca ggcctcatac atctccttca 1080

atgcggcctc caactcgcgg tcccaaatca aggctgcctt ggacaatgcg ggaaagatta 1140

tgagcctgac taaaaccgcc cccgactacc tggtgggcca gcagcccgtg gaggacattt 1200

ccagcaatcg gatttataaa attttggaac taaacgggta cgatccccaa tatgcggctt 1260

ccgtctttct gggatgggcc acgaaaaagt tcggcaagag gaacaccatc tggctgtttg 1320

ggcctgcaac taccgggaag accaacatcg cggaggccat agcccacact gtgcccttct 1380

acgggtgcgt aaactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgactgtgtc gacaagatgg 1440

tgatctggtg ggaggagggg aagatgaccg ccaaggtcgt ggagtcggcc aaagccattc 1500

tcggaggaag caaggtgcgc gtggaccaga aatgcaagtc ctcggcccag atagacccga 1560

ctcccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg aactcaacga 1620

ccttcgaaca ccagcagccg ttgcaagacc ggatgttcaa atttgaactc acccgccgtc 1680

tggatcatga ctttgggaag gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcaa 1740

aggatcacgt ggttgaggtg gagcatgaat tctacgtcaa aaagggtgga gccaagaaaa 1800

gacccgcccc cagtgacgca gatataagtg agcccaaacg ggtgcgcgag tcagttgcgc 1860

agccatcgac gtcagacgcg gaagcttcga tcaactacgc agacaggtac caaaacaaat 1920

gttctcgtca cgtgggcatg aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga 1980

atcagaattc aaatatctgc ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg 2040

tgtcagaatc tcaacccgtt tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc 2100

atcatatcat gggaaaggtg ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt 2160

tggatgactg catctttgaa caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat 2220

cttccagatt ggctcgagga cactctctct gaaggaataa gacagtggtg gaagctcaaa 2280

cctggcccac caccaccaaa gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg 2340

cttcctgggt acaagtacct cggacccttc aacggactcg acaagggaga gccggtcaac 2400

gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgta caaagcctac gaccggcagc tcgacagcgg 2460

agacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgcggag tttcaggagc gccttaaaga 2520

agatacgtct tttgggggca acctcggacg agcagtcttc caggcgaaaa agagggttct 2580

tgaacctctg ggcctggttg aggaacctgt taagacggct ccgggaaaaa agaggccggt 2640

agagcactct cctgtggagc cagactcctc ctcgggaacc ggaaaggcgg gccagcagcc 2700

tgcaagaaaa agattgaatt ttggtcagac tggagacgca gactcagtac ctgaccccca 2760

gcctctcgga cagccaccag cagccccctc tggtctggga actaatacga tggctacagg 2820

cagtggcgca ccaatggcag acaataacga gggcgccgac ggagtgggta attcctccgg 2880

aaattggcat tgcgattcca catggatggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac 2940

ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaaacaa atttccagcc aatcaggagc 3000

ctcgaacgac aatcactact ttggctacag caccccttgg gggtattttg acttcaacag 3060

attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc atcaacaaca actggggatt 3120

ccgacccaag agactcaact tcaagctctt taacattcaa gtcaaagagg tcacgcagaa 3180

tgacggtacg acgacgattg ccaataacct taccagcacg gttcaggtgt ttactgactc 3240

ggagtaccag ctcccgtacg tcctcggctc ggcgcatcaa ggatgcctcc cgccgttccc 3300

agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc ctgaacaacg ggagtcaggc 3360

agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct tctcagatgc tgcgtaccgg 3420

aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct ttccacagca gctacgctca 3480

cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac cagtacctgt attacttgag 3540

cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg cttcagtttt ctcaggccgg 3600

agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct ggaccctgtt accgccagca 3660

gcgagtatca aagacatctg cggataacaa caacagtgaa tactcgtgga ctggagctac 3720

caagtaccac ctcaatggca gagactctct ggtgaatccg gccatggcaa gccacaagga 3780

cgatgaagaa aagtttttc ctcagagcgg ggttctcatc tttgggaagc aaggctcaga 3840

gaaaacaaat gtgaacattg aaaaggtcat gattacagac gaagaggaaa tcggaacaac 3900

caatcccgtg gctacggagc agtatggttc tgtatctacc aacctccaga gaggcaacag 3960

acaagcagct accgcagatg tcaacacaca aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga 4020

cagagatgtg taccttcagg ggcccatctg ggcaaagatt ccacacacgg acggacattt 4080

tcacccctct cccctcatgg gtggattcgg acttaaacac cctcctccac agattctcat 4140

caagaacacc ccggtacctg cgaatccttc gaccaccttc agtgcggcaa agtttgcttc 4200

cttcatcaca cagtactcca cgggacacgg tcagcgtgga gatcgagtgg gagctgcaga 4260

aggaaaacag caaacgctgg aatcccgaaa ttcagtacac ttccaactac aacaagtctg 4320
ttaatcgtgg acttaccgtg gatactaatg gcgtgtattc agagcctcgc cccattggca 4380
ccagatacct gactcgtaat ctgtaattgc ttgttaatca ataaaccgtt taattcgttt 4440
cagttgaact ttggtctctg cgtatttctt tcttatctag tttccatggc tacgtagata 4500
agtagcatgg cgggttaatc attaactaca aggaacccct agtgatggag ttggccactc 4560
cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg 4620
gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg gccaa 4675

<210> 25
<211> 4679
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 25
ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc 60
cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120
gccaactcca tcactagggg ttcctggagg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180
ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240
gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300
ggtttgaacg cgcagccgcc atgccggggt tttacgagat tgtgattaag gtccccagcg 360

accttgacgg gcatctgccc ggcatttctg acagctttgt gaactgggtg gccgagaagg 420
aatgggagtt gccgccagat tctgacatgg atctgaatct gattgagcag gcacccctga 480
ccgtggccga gaagctgcag cgcgactttc tgacggaatg gcgccgtgtg agtaaggccc 540
cggaggccct tttctttgtg caatttgaga agggagagag ctacttccac atgcacgtgc 600
tcgtggaaac caccggggtg aaatccatgg ttttgggacg tttcctgagt cagattcgcg 660
aaaaactgat tcagagaatt taccgcggga tcgagccgac tttgccaaac tggttcgcgg 720
tcacaaagac cagaaatggc gccggaggcg ggaacaaggt ggtggatgag tgctacatcc 780

ccaattactt gctccccaaa acccagcctg agctccagtg ggcgtggact aatatggaac 840
agtatttaag cgcctgtttg aatctcacgg agcgtaaacg gttggtggcg cagcatctga 900
cgcacgtgtc gcagacgcag gagcagaaca aagagaatca gaatcccaat tctgatgcgc 960
cggtgatcag atcaaaaact tcagccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctcgtggaca 1020
aggggattac ctcggagaag cagtggatcc aggaggacca ggcctcatac atctccttca 1080

atgcggcctc caactcgcgg tcccaaatca aggctgcctt ggacaatgcg ggaaagatta 1140

tgagcctgac taaaaccgcc cccgactacc tggtgggcca gcagcccgtg gaggacattt 1200

ccagcaatcg gatttataaa attttggaac taaacgggta cgatccccaa tatgcggctt 1260

ccgtctttct gggatgggcc acgaaaaagt tcggcaagag gaacaccatc tggctgtttg 1320

ggcctgcaac taccgggaag accaacatcg cggaggccat agcccacact gtgcccttct 1380

acgggtgcgt aaactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgactgtgtc gacaagatgg 1440

tgatctggtg ggaggagggg aagatgaccg ccaaggtcgt ggagtcggcc aaagccattc 1500

tcggaggaag caaggtgcgc gtggaccaga aatgcaagtc ctcggcccag atagacccga 1560

ctcccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg aactcaacga 1620

ccttcgaaca ccagcagccg ttgcaagacc ggatgttcaa atttgaactc acccgccgtc 1680

tggatcatga ctttgggaag gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcaa 1740

aggatcacgt ggttgaggtg gagcatgaat tctacgtcaa aaagggtgga gccaagaaaa 1800

gacccgcccc cagtgacgca gatataagtg agcccaaacg ggtgcgcgag tcagttgcgc 1860

agccatcgac gtcagacgcg gaagcttcga tcaactacgc agacaggtac caaaacaaat 1920

gttctcgtca cgtgggcatg aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga 1980

atcagaattc aaatatctgc ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg 2040

tgtcagaatc tcaacccgtt tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc 2100

atcatatcat gggaaaggtg ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt 2160

tggatgactg catctttgaa caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat 2220

cttccagatt ggctcgagga cactctctct gaaggaataa gacagtggtg gaagctcaaa 2280

cctggcccac caccaccaaa gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg 2340

cttcctgggt acaagtacct cggacccttc aacggactcg acaagggaga gccggtcaac 2400

gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgac aaagcctacg accggcagct cgacagcgga 2460

gacaacccgt acctcaagta caaccacgcc gacgcggagt ttcaggagcg ccttaaagaa 2520

gatacgtctt ttgggggcaa cctcggacga gcagtcttcc aggcgaaaaa gagggttctt 2580

gaacctctgg gcctggttga ggaacctgtt aagacggctc cgggaaaaaa gaggccggta 2640

gagcactctc ctgtggagcc agactcctcc tcgggaaccg gaaaggcggg ccagcagcct 2700

gcaagaaaaa gattgaattt tggtcagact ggagacgcag actcagtacc tgacccccag 2760

cctctcggac agccaccagc agccccctct ggtctgggaa ctaatacgat ggctacaggc 2820

agtggcgcac caatggcaga caataacgag ggcgccgacg gagtgggtaa ttcctccgga 2880

aattggcatt gcgattccac atggatgggc gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc 2940
tgggccctgc ccacctacaa caaccacctc tacaaacaaa tttccagcca atcaggagcc 3000
tcgaacgaca atcactactt tggctacagc acccccttggg ggtattttga cttcaacaga 3060
ttccactgcc acttttcacc acgtgactgg caaagactca tcaacaacaa ctggggattc 3120
cgacccaaga gactcaactt caagctcttt aacattcaag tcaaagaggt cacgcagaat 3180
gacggtacga cgacgattgc caataacctt accagcacgg ttcaggtgtt tactgactcg 3240
gagtaccagc tcccgtacgt cctcggctcg gcgcatcaag gatgcctccc gccgttccca 3300

gcagacgtct tcatggtgcc acagtatgga tacctcaccc tgaacaacgg gagtcaggca 3360
gtaggacgct cttcatttta ctgcctggag tactttcctt ctcagatgct gcgtaccgga 3420
aacaacttta ccttcagcta cacttttgag gacgttcctt tccacagcag ctacgctcac 3480
agccagagtc tggaccgtct catgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ttacttgagc 3540
agaacaaaca ctccaagtgg aaccaccacg cagtcaaggc ttcagttttc tcaggccgga 3600
gcgagtgaca ttcgggacca gtctaggaac tggcttcctg gaccctgtta ccgccagcag 3660
cgagtatcaa agacatctgc ggataacaac aacagtgaat actcgtggac tggagctacc 3720

aagtaccacc tcaatggcag agactctctg gtgaatccgg gcccggccat ggcaagccac 3780
aaggacgatg aagaaaagtt ttttcctcag agcggggttc tcatctttgg gaagcaaggc 3840
tcagagaaaa caaatgtgga cattgaaaag gtcatgatta cagacgaaga ggaaatcagg 3900
acaaccaatc ccgtggctac ggagcagtat ggttctgtat ctaccaacct ccagagaggc 3960
aacagacaag cagctaccgc agatgtcaac acacaaggcg ttcttccagg catggtctgg 4020
caggacagag atgtgtacct tcaggggccc atctgggcaa agattccaca cacggacgga 4080
cattttcacc cctctcccct catgggtgga ttcggactta aacaccctcc tccacagatt 4140

ctcatcaaga acaccccggt acctgcgaat ccttcgacca ccttcagtgc ggcaaagttt 4200
gcttccttca tcacacagta ctccacggga caggtcagcg tggagatcga gtgggagctg 4260
cagaaggaaa acagcaaacg ctggaatccc gaaattcagt acacttccaa ctacaacaag 4320
tctgttaatg tggactttac tgtggacact aatggcgtgt attcagagcc tcgccccatt 4380
ggcaccagat acctgactcg taatctgtaa ttgcttgtta atcaataaac cgtttaattc 4440
gtttcagttg aactttggtc tctgcgtatt tctttcttat ctagtttcca tggctacgta 4500
gataagtagc atggcgggtt aatcattaac tacaaggaac ccctagtgat ggagttggcc 4560

actccctctc tgcgcgctcg ctcgctcact gaggccgggc gaccaaaggt cgcccgacgc 4620

ccgggctttg cccgggcggc ctcagtgagc gagcgagcgc gcagagaggg agtggccaa 4679

<210> 26

<211> 725

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 5

<400> 26

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg
130 135 140

Ile Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp
145 150 155 160

Ser Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser

165 170 175

Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp
180 185 190

Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly

195 200 205

Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr

210 215 220

Trp Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu

225 230 235 240

Pro Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val

245 250 255

Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser

305 310 315 320

Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr

325 330 335

Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly

340 345 350

Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser

370 375 380

Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly

385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser

405 410 415

Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val

420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val

435 440 445

Gln Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn
450 455 460
Trp Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser
465 470 475 480
Gly Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met

485 490 495
Glu Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met
500 505 510
Thr Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met
515 520 525
Ile Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu
530 535 540
Glu Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn

545 550 555 560
Arg Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser
565 570 575
Ser Thr Thr Ala Pro Thr Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val
580 585 590
Pro Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile
595 600 605
Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala

610 615 620
Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys
625 630 635 640
Asn Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val
645 650 655
Ser Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met
660 665 670
Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile

675 680 685
Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro

690 695 700

Asp Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr

705 710 715 720

Leu Thr Arg Pro Leu

725

<210> 27

<211> 644

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (434)..(434)

<223> Any amino acid

<400> 27

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg

1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr

20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg

35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro

50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly

65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val

180 185 190
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225 230 235 240
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300
Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
340 345 350
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365
Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe

370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln

405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Xaa Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln

500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 28

<211> 1933

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 28

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagt gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gttgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttctccc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacgccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 29

<211> 644

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 29

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Cys Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Val Ala Gly Gly Gly

115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val

180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

195 200 205

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

245 250 255

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

260 265 270

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe

370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln

405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Ser Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln

500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 30

<211> 1933

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 30

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gccagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca cggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctgggccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gaatgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 31

<211> 644

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 31

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg

1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr

```
            20                  25                  30
Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
        35                  40                  45
Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
    50                  55                  60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65                  70                  75                  80
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                85                  90                  95
Gly Asp Ser Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
            100                 105                 110
Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
        115                 120                 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
    130                 135                 140
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val Ile
145                 150                 155                 160
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                165                 170                 175
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
            180                 185                 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
        195                 200                 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
    210                 215                 220
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225                 230                 235                 240
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
                245                 250                 255

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
            260                 265                 270
```

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 32

<211> 1933

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 32

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gccagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca cggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctgggccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gaatgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 33

<211> 644

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 33

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225 230 235 240
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300
Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365
Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380
Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
420 425 430
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
435 440 445
Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
450 455 460
Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495
Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510
Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575
Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620
Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640
Tyr Ser Glu Pro

<210> 34
<211> 1933
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 34

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300
gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360
tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aatagcgagg gcgccgacgg 420
agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540
ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600
ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660
tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720
ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780
ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840
gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960
ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020
tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080
ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140
ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200
gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260
caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380
agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440
gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500
aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560
agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620
caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680
gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagc ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 35

<211> 644

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 35

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg

1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr

20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg

35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro

50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly

65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Ser Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

195 200 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225 230 235 240
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300
Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
340 345 350
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365
Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380
Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln

405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln

500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 36

<211> 1933

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 36

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggacc cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaaga ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 37

<211> 644

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 37

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Pro Glu Tyr Gln Leu Pro
260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380
Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu
385 390 395 400
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
435 440 445
Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
450 455 460
Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510
Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575
Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Ile Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 38

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 38

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Thr Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Arg Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Gly Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 39

<211> 3121

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 39

gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgactg 60

tgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga ggggaagatg accgccaagg tcgtggagtc 120

ggccaaagcc attctcggag gaagcaaggt gcgcgtggac cagaaatgca agtcctcggc 180

ccagatagac ccgactcccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240

cgggaactca acgaccttcg aacaccagca gccgttgcaa gaccggatgt tcaaatttga 300

actcacccgc cgtctggatc atgactttgg gaaggtcacc aagcaggaag tcaaagactt 360

tttccggtgg gcaaaggatc acgtggttga ggtggagcac gaattctacg tcaaaaaggg 420

tggagccaag aaaagacccg cccccagtga cgcagatata agtgagccca aacgggtgcg 480

cgagtcagtt gcgcagccat cgacgtcaga cgcggaagct tcgatcaact acgcagacag 540

gtaccaaaac aaatgttctc gtcacgcggg catgaatctg atgctgtttc cctgcagaca 600

atgcgagaga atgaatcaga attcaaatat ctgcttcact cacggacaga aagactgttt 660

agagtgcttt cccgtgtcag aatctcaacc cgtttctgtc gtcaaaaagg cgtatcagaa 720

actgtgctac attcatcata tcatgggaaa ggtgccagac gcttgcactg cctgcgatct 780

ggtcgatgtg gatttggatg actgcatctt tgaacaataa atgatttaaa tcaggtatgg 840

ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc attcgcgagt 900

ggtgggcgct gaaacctgga gccccgaagc ccaaagccaa ccagcaaaag caggacggcg 960

gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga ctcgacaagg 1020

gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc 1080

agctcaaagc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgccgacgcc gagtttcagg 1140

agcgtctgca agaagatacg tcttttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc ttccaggcca 1200

agaagcgggt tctcgaacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg gctcctggaa 1260

agaagagacc ggtagagcca tcaccccagc gttctccaga ctcctctacg ggcatcggca 1320

agaaaggcca gcagcccgcg aaaaagagac tcaactttgg gcagactggc gactcagagt 1380

cagtgcccga ccctcaacca atcggagaac cccccgcagg cccctctggt ctgggatctg 1440

gtacaatggc tgcaggcggt ggcgctccaa tggcagacaa taacgaaggc gccgacggag 1500

tgggtagttc ctcaggaaat tggcattgcg attccacatg gctgggcgac tgagtcatca 1560

ccaccagcac ccgaacctgg gccctcccca cctacaacaa ccacctctac aagcaaatct 1620

ccaacgggac ttcgggagga agcaccaacg acaacaccta cttcggctac agcacccccc 1680

gggggtattt tgactttaac agattccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac 1740

tcatcaacaa caactgggga ttccggccca agagactcaa cttcaagctc ttcaacatcc 1800

aggtcaagga ggtcacgcag aatgaaggca ccaagaccat cgccaataac cttaccagca 1860

cgattcaggt ctttacggac tcggaatacc agctcccgta cgtcctcggc tctgcgcacc 1920

agggctgcct gcctccgttc ccggcggacg tcttcatgat tcctcagtac gggtacctga 1980

ctctgaacaa tggcagtcag gccgtgggcc gttcctcctt ctactgcctg gagtactttc 2040

cttctcaaat gctgagaacg ggcaacaact ttgagttcag ctaccagttt gaggacgtgc 2100

cttttcacag cagctacgcg cacagccaaa gcctggaccg gctgatgaac cccctcatcg 2160

accagtacct gtactacctg tctcggactc agtccacggg aggtaccgca ggaactcagc 2220

agttgctatt ttctcaggcc gggcctaata acatgtcggc tcaggccaaa aactggctac 2280

ccgggccctg ctaccggcag taacgcgtct ccacgacact gtcgcaaaat aacaacagca 2340

actttgtctg gaccggtgcc accaagtatc atctgaatgg cagagactct ctggtagatc 2400
ccggtgtcgc tatggcaacc cacaaggacg acgaagagcg atttttttccg tccagcggag 2460
tcataatgtt tgggaaacag ggagctggaa aagacaacgt ggactatagc agcgtcatgc 2520
taaccagtga ggaagaaatt aaaaccacca acccagtggc cacagaacag tacggcgtgg 2580
tggccgataa cctgcaacag caaaacgccg ctcctattgt aggggccgtc aacagtcaag 2640
gagccttacc tggcatggtc tggcagaacc gggacgtgta cctgcagggt cctacctggg 2700
ccaagattcc tcacacggac ggaaactttc atccctcgcc gctgatggga ggctttggac 2760

tgaaacaccc gcctcctcag atcctgatta agaatacacc tgttcccgcg gatcctccaa 2820
ctaccttcag tcaagctaag ctggcgtcgt tcatcacgca gtacagcacc ggacaggtca 2880
gcgtggaaat tgaatgggag ctgcaggaag aaaacagcaa acgctggaac ccagagattc 2940
aatacacttc caactactac aaatctacaa atgtggactt tgctgttaac acagatggca 3000
cttattctga gcctcgcccc atcggcaccc gttacctcac ccgtaatctg taattgcttg 3060
ttaatcaata aaccggttga ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga agggcgaatt 3120
c 3121

<210> 40
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 40

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Gly Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Ser Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asp Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 41
<211> 3121
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"
<400> 41

gaattcgccc ttcgcgagac caaagttcaa ctgaaacgaa tcaaccggtt tattgattaa 60

caagcaatta cagattacgg gtgaggtaac gggtgccgat ggggcgaggc tcagaataag 120

tgccatctgt gttaacagca aagtccacat ttgtagattt gtagtagttg gaagtgtatt 180

gaatctctgg gttccagcgt ttgctgtttt ctttctgcag ctcccattca atttccacgc 240

tgacctgtcc ggtgctgtac tgcgtgatga acgacgccag cttagcttga ctgaaggtag 300

ttggaggatc cgcgggaaca ggtgtattct taatcaggat ctgaggaggc gggtgtttca 360

gtccaaagcc tcccatcagc ggcgagggat gaaagtttcc gtccgtgtga ggaatcttgg 420

cccagatagg accctgcagg tacacgtccc ggttctgcca gaccatgcca ggtaaggctc 480

cttgactgtt gacggcccct acaataggag cggcgttttg ctgttgcagg ttatcggcca 540

ccacgccgta ctgttctgtg gccactgggt tggtggtttt aatttcttcc tcactggtta 600

gcataacgct gctatagtcc acgttgtctt ttccagctcc ctgtttccca aacattaaga 660

ctccgctgga cggaaaaaat cgctcttcgt cgtccttgtg ggttgccata gcgacaccgg 720

gatttaccag agagtctctg ccattcagat gatacttggt ggcaccggtc caggcaaagt 780

tgctgttgtc attttgcgac agtgtcgtgg agacgcgttg ctgccggtag cagggcccgg 840

gtagccagtt tttggcctga gccgacatgt tattaggccc ggcctgagaa aatagcaact 900

gctgagttcc tgcggtacct cccgtggact gagtccgaga caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg gttcatcagc cggtccaggc tttggctgtg cgcgtagctg ctgtgaaaag 1020

gcacgtcctc aaactggtag ctgaactcaa agttgttgcc cgttctcagc atttgagaag 1080

gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac ggcccacggc ctgactgcca ttgttcagag 1140

tcaggtaccc gtactgagga atcatgaaga cgtccgccgg gaacggaggc aggcagccct 1200

ggtgcgcaga gccgaggacg tacgggagct ggtattccga gtccgtaaag acctgaatcg 1260

tgctggtaag gttattggcg atggtcttgg tgccttcatt ctgcgtgacc tccttgacct 1320

ggatgttgaa gagcttgaag ttgaggctct tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380

gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttaaagtca aaataccccc 1440

agggggtgct gtagccgaag taggtgttgt cgttggtgct tcctcccgaa gtcccgttgg 1500

agatttgctt gtagaggtgg ttgttgtagg tggggagggc ccaggttcgg gtgctggtgg 1560

tgatgactcc gtcgcccagc catgtggaat cgcaatgcca atttcctgag gaactaccca 1620

ctccgtcggc gccttcgtta ttgtctgcca ttggagcgcc accgcctgca gccattgtac 1680

cagatcccag accagagggg cctgcggggg gttctccgat tggttgaggg tcgggcactg 1740

actctgagtc gccagtctgc ccaaagttga gtctcttttt cgcgggctgc tggcctttct 1800

tgccgatgcc cgtagaggag tctggagaac gctggggtga tggctctacc ggtctcttct 1860

ttccaggagc cgtcttagcg ccttcctcaa ccagaccgag aggttcgaga acccgcttct 1920

tggcctggaa gactgctcgc ccgaggttgc ccccaaaaga cgtatcttct tgcagacgct 1980

cctgaaactc ggcgtcggcg tggttatacc gcaggtacgg attgtcaccc gctttgagct 2040

gctggtcgta ggccttgtcg tgctcgaggg ccgctgcgtc cgccgcgttg acgggctccc 2100

ccttgtcgag tccgttgaag ggtccgaggt acttgtagcc aggaagcacc agaccccggc 2160

cgtcgtcctg cttttgctgg ttggctttgg gcttcggggc tccaggtttc agcgcccacc 2220

actcgcgaat gccctcagag aggttgtcct cgagccaatc tggaagataa ccatcggcag 2280

ccatacctga tttaaatcat ttattgttca aagatgcagt catccaaatc cacattgacc 2340

agatcgcagg cagtgcaagc gtctggcacc tttcccatga tatgatgaat gtagcacagt 2400

ttctgatacg ccttttgac gacagaaacg ggttgagatt ctgacacggg aaagcactct 2460

aaacagtctt tctgtccgtg agtgaagcag atatttgaat tctgattcat tctctcgcat 2520

tgtctgcagg gaaacagcat cagattcatg cccacgtgac gagaacattt gttttggtac 2580

ctgtctgcgt agttgatcga agcttccgcg tctgacgtcg atggctgcgc aactgactcg 2640

cgcacccgtt tgggctcact tatatctgcg tcactggggg cgggtctttt cttggctcca 2700

ccctttttga cgtagaattc atgctccacc tcaaccacgt gatcctttgc ccaccggaaa 2760

aagtctttga cttcctgctt ggtgaccttc ccaaagtcat gatccagacg gcgggtgagt 2820

tcaaatttga acatccggtc ttgcaacggc tgctggtgtt cgaaggtcgt tgagttcccg 2880

tcaatcacgg cgcacatgtt ggtgttggag gtgacgatca cgggagtcgg gtctatctgg 2940

gccgaggact tgcatttctg gtccacgcgc accttgcttc ctccgagaat ggctttggcc 3000

gactccacga ccttggcggt catcttcccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgaca 3060

cagtcgttga agggaaagtt ctcattggtc cagttgacgc agccgtagaa agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 42

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 42

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaagg gggctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg agactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

agaggggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgactg gaactgtcaa tcatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgtg a 2211

<210> 43

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 43

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly
130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Arg Gly Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 44

<211> 4726

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 44

ttggccactc cctctatgcg cactcgctcg ctcggtgggg cctggcgacc aaaggtcgcc 60

agacggacgt gctttgcacg tccggcccca ccgagcgagc gagtgcgcat agagggagtg 120

gccaactcca tcactagagg tatggcagtg acgtaacgcg aagcgcgcga agcgagacca 180

cgcctaccag ctgcgtcagc agtcaggtga ccctttgcg acagtttgcg acaccacgtg 240

gccgctgagg gtatatattc tcgagtgagc gaaccaggag ctccattttg accgcgaaat 300

ttgaacgagc agcagccatg ccggggttct acgagattgt cctgaaggtc ccgagtgacc 360

tggacgagcg cctgccgggc atttctaact cgtttgttaa ctgggtggcc gagaaggaat 420

gggacgtgcc gccggattct gacatggatc cgaatctgat tgagcaggca cccctgaccg 480

tggccgaaaa gcttcagcgc gagttcctgg tggagtggcg ccgcgtgagt aaggccccgg 540

aggccctctt ttttgtccag ttcgaaaagg gggagaccta cttccacctg cacgtgctga 600

ttgagaccat cggggtcaaa tccatggtgg tcggccgcta cgtgagccag attaaagaga 660

agctggtgac ccgcatctac cgcggggtcg agccgcagct tccgaactgg ttcgcggtga 720

ccaaaacgcg aaatggcgcc gggggcggga acaaggtggt ggacgactgc tacatcccca 780

actacctgct ccccaagacc cagcccgagc tccagtgggc gtggactaac atggaccagt 840

atttaagcgc ctgtttgaat ctcgcggagc gtaaacggct ggtggcgcag catctgacgc 900

acgtgtcgca gacgcaggag cagaacaaag agaatcagaa ccccaattct gacgcgccgg 960

tcatcaggtc aaaaacctca gccaggtaca tggagctggt cgggtggctg gtggaccgcg 1020

ggatcacgtc agaaaagcaa tggattcagg aggaccaggc ctcgtacatc tccttcaacg 1080

ccgcctccaa ctcgcggtcc cagatcaagg ccgcgctgga caatgcctcc aagatcatga 1140

gcctgacaaa gacggctccg gactacctgg tgggcagcaa cccgccggag gacattacca 1200

aaaatcggat ctaccaaatc ctggagctga acgggtacga tccgcagtac gcggcctccg 1260

tcttcctggg ctgggcgcaa aagaagttcg ggaagaggaa caccatctgg ctctttgggc 1320

cggccacgac gggtaaaacc aacatcgcgg aagccatcgc ccacgccgtg cccttctacg 1380

gctgcgtaaa ctggaccaat gagaactttc ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga 1440

tctggtggga ggagggcaag atgacggcca aggtcgtgga gagcgccaag gccattctgg 1500

gcggaagcaa ggtgcgcgtg gaccaaaagt gcaagtcatc ggcccagatc gaacccactc 1560

ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt gcgccgtgat tgacgggaac agcaccacct 1620

tcgagcatca gcagccgctg caggaccgga tgtttgaatt tgaacttacc cgccgtttgg 1680

accatgactt tgggaaggtc accaaacagg aagtaaagga ctttttccgg tgggcttccg 1740

atcacgtgac tgacgtggct catgagttct acgtcagaaa gggtggagct aagaaacgcc 1800

ccgcctccaa tgacgcggat gtaagcgagc caaaacggga gtgcacgtca cttgcgcagc 1860

cgacaacgtc agacgcggaa gcaccggcgg actacgcgga caggtaccaa aacaaatgtt 1920

ctcgtcacgt gggcatgaat ctgatgcttt ttccctgtaa aacatgcgag agaatgaatc 1980

aaatttccaa tgtctgtttt acgcatggtc aaagagactg tggggaatgc ttccctggaa 2040

tgtcagaatc tcaacccgtt tctgtcgtca aaaagaagac ttatcagaaa ctgtgtccaa 2100

ttcatcatat cctgggaagg gcacccgaga ttgcctgttc ggcctgcgat ttggccaatg 2160

tggacttgga tgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggtat ggctgctgac 2220

ggttatcttc cagattggct cgaggacaac ctttctgaag gcattcgtga gtggtgggct 2280

ctgaaacctg gagtccctca acccaaagcg aaccaacaac accaggacaa ccgtcggggt 2340

cttgtgcttc cgggttacaa atacctcgga cccggtaacg gactcgacaa aggagagccg 2400

gtcaacgagg cggacgcggc agccctcgaa cacgacaaag cttacgacca gcagctcaag 2460

gccggtgaca acccgtacct caagtacaac cacgccgacg ccgagtttca ggagcgtctt 2520

caagaagata cgtcttttgg gggcaacctt ggcagagcag tcttccaggc caaaaagagg 2580

atccttgagc ctcttggtct ggttgaggaa gcagctaaaa cggctcctgg aaagaagggg 2640

gctgtagatc agtctcctca ggaaccggac tcatcatctg gtgttggcaa atcgggcaaa 2700

cagcctgcca gaaaaagact aaatttcggt cagactggag actcagagtc agtcccagac 2760

cctcaacctc tcggagaacc accagcagcc cccacaagtt tgggatctaa tacaatggct 2820

tcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgagggtg ccgatggagt gggtaattcc 2880

tcaggaaatt ggcattgcga ttcccaatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 2940

agaacctggg ccctgcccac ttacaacaac catctctaca agcaaatctc cagccaatca 3000

ggagcttcaa acgacaacca ctactttggc tacagcaccc cttgggggta ttttgacttt 3060

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcattaa caacaactgg 3120

ggattccggc ccaagaaact cagcttcaag ctcttcaaca tccaagttag aggggtcacg 3180

cagaacgatg gcacgacgac tattgccaat aaccttacca gcacggttca agtgtttacg 3240

gactcggagt atcagctccc gtacgtgctc gggtcggcgc accaaggctg tctcccgccg 3300

tttccagcgg acgtcttcat ggtccctcag tatggatacc tcaccctgaa caacggaagt 3360

caagcggtgg gacgctcatc cttttactgc ctggagtact tcccttcgca gatgctaagg 3420

actggaaata acttccaatt cagctatacc ttcgaggatg taccttttca cagcagctac 3480

gctcacagcc agagtttgga tcgcttgatg aatcctctta ttgatcagta tctgtactac 3540

ctgaacagaa cgcaaggaac aacctctgga acaaccaacc aatcacggct gctttttagc 3600

caggctgggc ctcagtctat gtctttgcag gccagaaatt ggctacctgg gccctgctac 3660

cggcaacaga gactttcaaa gactgctaac gacaacaaca acagtaactt tccttggaca 3720

gcggccagca aatatcatct caatggccgc gactcgctgg tgaatccagg accagctatg 3780

gccagtcaca aggacgatga agaaaaattt ttccctatgc acggcaatct aatatttggc 3840

aaagaaggga caacggcaag taacgcagaa ttagataatg taatgattac ggatgaagaa 3900

gagattcgta ccaccaatcc tgtggcaaca gagcagtatg gaactgtggc aaataacttg 3960

cagagctcaa atacagctcc cacgactgga actgtcaatc atcaggggggc cttacctggc 4020

atggtgtggc aagatcgtga cgtgtacctt caaggaccta tctgggcaaa gattcctcac 4080

acggatggac actttcatcc ttctcctctg atgggaggct ttggactgaa acatccgcct 4140

cctcaaatca tgatcaaaaa tactccggta ccggcaaatc ctccgacgac tttcagcccg 4200

gccaagtttg cttcatttat cactcagtac tccactggac aggtcagcgt ggaaattgag 4260

tgggagctac agaaagaaaa cagcaaacgt tggaatccag agattcagta cacttccaac 4320

tacaacaagt ctgttaatgt ggactttact gtagacacta atggtgttta tagtgaacct 4380

cgccctattg gaacccggta tctcacacga aacttgtgaa tcctggttaa tcaataaacc 4440

gtttaattcg tttcagttga actttggctc ttgtgcactt ctttatcttt atcttgtttc 4500

catggctact gcgtagataa gcagcggcct gcggcgcttg cgcttcgcgg tttacaactg 4560

ctggttaata tttaactctc gccatacctc tagtgatgga gttggccact ccctctatgc 4620

gcactcgctc gctcggtggg gcctggcgac caaaggtcgc cagacggacg tgctttgcac 4680

gtccggcccc accgagcgag cgagtgcgca tagagggagt ggccaa 4726

<210> 45

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 45

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Asn Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Ala Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Glu Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asp Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 46

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 46

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaagg gggctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg agactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

agaggggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgactg gaactgtcaa tcatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 47

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 47

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly

130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Arg Gly Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 48

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 48

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly
130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Arg Gly Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 49

<211> 624

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 49

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp

1 5 10 15

Glu Arg Leu Pro Gly Ile Ser Asn Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Asp Val Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Pro Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu

50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Glu Thr Tyr Phe His Leu His Val Leu Ile Glu

85 90 95

Thr Ile Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile

100 105 110

Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu

115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly

130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys

145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Leu

165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His

180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn

195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr

210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

260 265 270

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Ser Asn

275 280 285

Pro Pro Glu Asp Ile Thr Lys Asn Arg Ile Tyr Gln Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Glu Phe

435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Asp His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Asp Val

465 470 475 480

Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Lys Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Ser Asn Asp Ala Asp Val Ser Glu Pro Lys Arg Glu Cys Thr Ser Leu

500 505 510

Ala Gln Pro Thr Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Ala Asp Tyr Ala Asp

515 520 525

Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu

530 535 540

Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Ile Ser Asn Val Cys

545 550 555 560

Phe Thr His Gly Gln Arg Asp Cys Gly Glu Cys Phe Pro Gly Met Ser

565 570 575

Glu Ser Gln Pro Val Ser Val Val Lys Lys Lys Thr Tyr Gln Lys Leu

580 585 590

Cys Pro Ile His His Ile Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser

595 600 605

Ala Cys Asp Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln

610 615 620

<210> 50

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 50

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 51

<211> 624

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 51

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15
Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asn Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu

20 25 30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Pro Asn Leu Ile
35 40 45
Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu
50 55 60
Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80
Gln Phe Glu Lys Gly Glu Thr Tyr Phe His Leu His Val Leu Ile Glu

85 90 95
Thr Ile Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile
100 105 110
Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu
115 120 125
Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys

145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Leu
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr

210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys
260 265 270
Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Ser Asn

275 280 285
Pro Pro Glu Asp Ile Thr Lys Asn Arg Ile Tyr Gln Ile Leu Glu Leu
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320
Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Arg Arg Leu Asp His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Asp Val

465 470 475 480
Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Lys Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Ser Asn Asp Ala Asp Val Ser Glu Pro Lys Arg Gln Cys Thr Ser Leu

500 505 510

Ala Gln Pro Thr Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Ala Asp Tyr Ala Asp

515 520 525

Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu

530 535 540

Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Ile Ser Asn Val Cys

545 550 555 560

Phe Thr His Gly Gln Arg Asp Cys Gly Glu Cys Phe Pro Gly Met Ser

565 570 575

Glu Ser Gln Pro Val Ser Val Val Lys Lys Lys Thr Tyr Gln Lys Leu

580 585 590

Cys Pro Ile His His Ile Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser

595 600 605

Ala Cys Asp Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln

610 615 620

<210> 52

<211> 4722

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 52

tggccactcc ctctatgcgc actcgctcgc tcggtggggc ctggcgacca aaggtcgcca 60

gacggacgtg ctttgcacgt ccggccccac cgagcgagcg agtgcgcata gagggagtgg 120

ccaactccat cactagaggt atggcagtga cgtaacgcga agcgcgcgaa gcgagaccac 180

gcctaccagc tgcgtcagca gtcaggtgac ccttttgcga cagtttgcga caccacgtgg 240

ccgctgaggg tatatattct cgagtgagcg aaccaggagc tccattttga ccgcgaaatt 300

tgaacgagca gcagccatgc cggggttcta cgagattgtc ctgaaggtcc cgagtgacct 360

ggacgagcac ctgccgggca tttctaactc gtttgttaac tgggtggccg agaaggaatg 420

ggagctgccg ccggattctg acatggatcc gaatctgatt gagcaggcac ccctgaccgt 480

ggccgaaaag cttcagcgcg agttcctggt ggagtggcgc cgcgtgagta aggccccgga 540

ggccctcttt tttgtccagt tcgaaaaggg ggagacctac ttccacctgc acgtgctgat 600

tgagaccatc ggggtcaaat ccatggtggt cggccgctac gtgagccaga ttaaagagaa 660

gctggtgacc cgcatctacc gcggggtcga gccgcagctt ccgaactggt tcgcggtgac 720

caaaacgcga aatggcgccg ggggcgggaa caaggtggtg gacgactgct acatccccaa 780

ctacctgctc cccaagaccc agcccgagct ccagtgggcg tggactaaca tggaccagta 840

tttaagcgcc tgtttgaatc tcgcggagcg taaacggctg gtggcgcagc atctgacgca 900

cgtgtcgcag acgcaggagc agaacaaaga gaatcagaac cccaattctg acgcgccggt 960

catcaggtca aaaacctcag ccaggtacat ggagctggtc gggtggctgg tggaccgcgg 1020

gatcacgtca gaaaagcaat ggattcagga ggaccaggcc tcgtacatct ccttcaacgc 1080

cgcctccaac tcgcggtccc agatcaaggc cgcgctggac aatgcctcca agatcatgag 1140

cctgacaaag acggctccgg actacctggt gggcagcaac ccgccggagg acattaccaa 1200

aaatcggatc taccaaatcc tggagctgaa cgggtacgat ccgcagtacg cggcctccgt 1260

cttcctgggc tgggcgcaaa agaagttcgg gaagaggaac accatctggc tctttgggcc 1320

ggccacgacg ggtaaaacca acatcgcgga agccatcgcc cacgccgtgc ccttctacgg 1380

ctgcgtaaac tggaccaatg agaactttcc cttcaacgat tgcgtcgaca agatggtgat 1440

ctggtgggag gagggcaaga tgacggccaa ggtcgtggag agcgccaagg ccattctggg 1500

cggaagcaag gtgcgcgtgg accaaaaagtg caagtcatcg gcccagatcg aacccactcc 1560

cgtgatcgtc acctccaaca ccaacatgtg cgccgtgatt gacgggaaca gcaccacctt 1620

cgagcatcag cagccgctgc aggaccggat gtttaaattt gaacttaccc gccgtttgga 1680

ccatgacttt gggaaggtca ccaaacagga agtaaaggac tttttccggt gggcttccga 1740

tcacgtgact gacgtggctc atgagttcta cgtcagaaag ggtggagcta agaaacgccc 1800

cgcctccaat gacgcggatg taagcgagcc aaaacggcag tgcacgtcac ttgcgcagcc 1860

gacaacgtca gacgcggaag caccggcgga ctacgcggac aggtaccaaa acaaatgttc 1920

tcgtcacgtg ggcatgaatc tgatgctttt tccctgtaaa acatgcgaga gaatgaatca 1980

aatttccaat gtctgtttta cgcatggtca aagagactgt ggggaatgct tccctggaat 2040

gtcagaatct caacccgttt ctgtcgtcaa aaagaagact tatcagaaac tgtgtccaat 2100

tcatcatatc ctgggaaggg cacccgagat tgcctgttcg gcctgcgatt tggccaatgt 2160

ggacttggat gactgtgttt ctgagcaata aatgacttaa accaggtatg gctgctgacg 2220

gttatcttcc agattggctc gaggacaacc tttctgaagg cattcgtgag tggtgggctc 2280

tgaaacctgg agtccctcaa cccaaagcga accaacaaca ccaggacaac cgtcggggtc 2340

ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggtaacgg actcgacaaa ggagagccgg 2400

tcaacgaggc ggacgcggca gccctcgaac acgacaaagc ttacgaccag cagctcaagg 2460

ccggtgacaa cccgtacctc aagtacaacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtcttc 2520

aagaagatac gtcttttggg ggcaaccttg gcagagcagt cttccaggcc aaaaagagga 2580

tccttgagcc tcttggtctg gttgaggaag cagctaaaac ggctcctgga aagaagaggc 2640

ctgtagatca gtctcctcag gaaccggact catcatctgg tgttggcaaa tcgggcaaac 2700

agcctgccag aaaaagacta aatttcggtc agactggcga ctcagagtca gtcccagacc 2760

ctcaacctct cggagaacca ccagcagccc ccacaagttt gggatctaat acaatggctt 2820

caggcggtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggtgc cgatggagtg ggtaattcct 2880

caggaaattg gcattgcgat tcccaatggc tgggcgacag agtcatcacc accagcacca 2940

gaacctgggc cctgcccact tacaacaacc atctctacaa gcaaatctcc agccaatcag 3000

gagcttcaaa cgacaaccac tactttggct acagcacccc ttgggggtat tttgacttta 3060

acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcattaac aacaactggg 3120

gattccggcc caagaaactc agcttcaagc tcttcaacat ccaagttaaa gaggtcacgc 3180

agaacgatgg cacgacgact attgccaata accttaccag cacggttcaa gtgtttacgg 3240

actcggagta tcagctcccg tacgtgctcg ggtcggcgca ccaaggctgt ctcccgccgt 3300

ttccagcgga cgtcttcatg gtccctcagt atggatacct caccctgaac aacggaagtc 3360

aagcggtggg acgctcatcc ttttactgcc tggagtactt cccttcgcag atgctaagga 3420

ctggaaataa cttccaattc agctatacct tcgaggatgt acctttcac agcagctacg 3480

ctcacagcca gagtttggat cgcttgatga atcctcttat tgatcagtat ctgtactacc 3540

tgaacagaac gcaaggaaca acctctggaa caaccaacca atcacggctg ctttttagcc 3600

aggctgggcc tcagtctatg tctttgcagg ccagaaattg gctacctggg ccctgctacc 3660

ggcaacagag actttcaaag actgctaacg acaacaacaa cagtaacttt ccttggacag 3720

cggccagcaa atatcatctc aatggccgcg actcgctggt gaatccagga ccagctatgg 3780

ccagtcacaa ggacgatgaa gaaaaatttt tccctatgca cggcaatcta atatttggca 3840

aagaagggac aacggcaagt aacgcagaat tagataatgt aatgattacg gatgaagaag 3900

agattcgtac caccaatcct gtggcaacag agcagtatgg aactgtggca aataacttgc 3960

agagctcaaa tacagctccc acgactagaa ctgtcaatga tcaggggggcc ttacctggca 4020

tggtgtggca agatcgtgac gtgtaccttc aaggacctat ctgggcaaag attcctcaca 4080

cggatggaca ctttcatcct tctcctctga tgggaggctt tggactgaaa catccgcctc 4140

ctcaaatcat gatcaaaaat actccggtac cggcaaatcc tccgacgact ttcagcccgg 4200

ccaagtttgc ttcatttatc actcagtact ccactggaca ggtcagcgtg gaaattgagt 4260

gggagctaca gaaagaaaac agcaaacgtt ggaatccaga gattcagtac acttccaact 4320

acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tagacactaa tggtgtttat agtgaacctc 4380

gccctattgg aacccggtat ctcacacgaa acttgtaatc ctggttaatc aataaaccgt 4440

ttaattcgtt tcagttgaac tttggctctt gtgcacttct tatcttatct tgtttccatg 4500

gctactgcgt agataagcag cggcctgcgg cgcttgcgct tcgcggttta caactgctgg 4560

ttaatattta actctcgcca tacctctagt gatggagttg gccactccct ctatgcgcac 4620

tcgctcgctc ggtggggccg gacgtgcaaa gcacgtccgt ctggcgacct ttggtcgcca 4680

ggccccaccg agcgagcgag tgcgcataga gggagtggcc aa 4722

<210> 53

<211> 1800

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (342)..(342)

<223> a, c, t, or g

<400> 53

acggctcctg gaaagaagag accgttgatt gaatcccccc agcagcccga ctcctccacg 60

ggtatcggca aaaaaggcaa gcagccggct aaaaagaagc tcgttttcga agacgaaact 120

ggagcaggcg acggaccccc tgagggatca acttccggag ccatgtctga tgacagtgag 180

atgcgtgcag cagctggcgg agctgcagtc gagggsggac aaggtgccga tggagtgggt 240

aatgcctcgg gtgattggca ttgcgattcc acctggtctg agggccacgt cacgaccacc 300

agcaccagaa cctgggtctt gcccacctac aacaaccacc tntacaagcg actcggagag 360

agcctgcagt ccaacaccta caacggattc tccacccccc ggggatactt tgacttcaac 420

cgcttccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac tcatcaacaa caactggggc 480

atgcgaccca aagccatgcg ggtcaaaatc ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgacg 540

tcgaacggcg agacaacggt ggctaataac cttaccagca cggttcagat ctttgcggac 600

tcgtcgtacg aactgccgta cgtgatggat gcgggtcaag agggcagcct gcctcctttt 660

cccaacgacg tctttatggt gccccagtac ggctactgtg gactggtgac cggcaacact 720

tcgcagcaac agactgacag aaatgccttc tactgcctgg agtactttcc ttcgcagatg 780

ctgcggactg gcaacaactt tgaaattacg tacagttttg agaaggtgcc tttccactcg 840

atgtacgcgc acagccagag cctggaccgg ctgatgaacc ctctcatcga ccagtacctg 900

tggggactgc aatcgaccac caccggaacc accctgaatg ccgggactgc caccaccaac 960

tttaccaagc tgcggcctac caacttttcc aactttaaaa agaactggct gcccgggcct 1020

tcaatcaagc agcagggctt ctcaaagact gccaatcaaa actacaagat ccctgccacc 1080

gggtcagaca gtctcatcaa atacgagacg cacagcactc tggacggaag atggagtgcc 1140

ctgacccccg gacctccaat ggccacggct ggacctgcgg acagcaagtt cagcaacagc 1200

cagctcatct ttgcggggcc taaacagaac ggcaacacgg ccaccgtacc cgggactctg 1260

atcttcacct ctgaggagga gctggcagcc accaacgcca ccgatacgga catgtggggc 1320

aacctacctg gcggtgacca gagcaacagc aacctgccga ccgtggacag actgacagcc 1380

ttgggagccg tgcctggaat ggtctggcaa aacagagaca tttactacca gggtcccatt 1440

tgggccaaga ttcctcatac cgatggacac tttcacccct caccgctgat tggtgggttt 1500

gggctgaaac acccgcctcc tcaaattttt atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1560

gcaacgacct tcagctctac tccggtaaac tccttcatta ctcagtacag cactggccag 1620

gtgtcggtgc agattgactg ggagatccag aaggagcggt ccaaacgctg gaaccccgag 1680

gtccagttta cctccaacta cggacagcaa aactctctgt tgtgggctcc cgatgcggct 1740

gggaaataca ctgagcctag ggctatcggt acccgctacc tcacccacca cctgtaataa 1800

<210> 54

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (750)..(750)

<223> a, c, t, or g

<400> 54

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggacccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggsggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctn tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggcctа aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc aacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaataa 2208

<210> 55

<211> 1872

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 55

atgccggggt tctacgagat cgtgctgaag gtgcccagcg acctggacga gcacctgccc 60

ggcatttctg actcttttgt gagctgggtg gccgagaagg aatgggagct gccgccggat 120

tctgacatgg acttgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga aaagctgcaa 180

cgcgagttcc tggtcgagtg gcgccgcgtg agtaaggccc cggaggccct cttctttgtc 240

cagttcgaga agggggacag ctacttccac ctgcacatcc tggtggagac cgtgggcgtc 300

aaatccatgg tggtgggccg ctacgtgagc cagattaaag agaagctggt gacccgcatc 360

taccgcgggg tcgagccgca gcttccgaac tggttcgcgg tgaccaagac gcgtaatggc 420

gccggaggcg ggaacaaggt ggtggacgac tgctacatcc ccaactacct gctccccaag 480

acccagcccg agctccagtg ggcgtggact aacatggacc agtatataag cgcctgtttg 540

aatctcgcgg agcgtaaacg gctggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc gcagacgcag 600

gagcagaaca aggaaaacca gaaccccaat tctgacgcgc cggtcatcag gtcaaaaacc 660

tccgccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctggtggacc gcgggatcac gtcagaaaag 720

caatggatcc aggaggacca ggcgtcctac atctccttca acgccgcctc caactcgcgg 780

tcacaaatca aggccgcgct ggacaatgcc tccaaaatca tgagcctgac aaagacggct 840

ccggactacc tggtgggcca gaacccgccg gaggacattt ccagcaaccg catctaccga 900

atcctcgaga tgaacgggta cgatccgcag tacgcggcct ccgtcttcct gggctgggcg 960

caaaagaagt tcgggaagag gaacaccatc tggctctttg ggccggccac gacgggtaaa 1020

accaacatcg cggaagccat cgcccacgcc gtgcccttct acggctgcgt gaactggacc 1080

aatgagaact ttccgttcaa cgattgcgtc gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc 1140

aagatgacgg ccaaggtcgt agagagcgcc aaggccatcc tgggcggaag caaggtgcgc 1200

gtggaccaaa agtgcaagtc atcggcccag atcgacccaa ctcccgtgat cgtcacctcc 1260

aacaccaaca tgtgcgcggt catcgacgga aactcgacca ccttcgagca ccaacaacca 1320

ctccaggacc ggatgttcaa gttcgagctc accaagcgcc tggagcacga ctttggcaag 1380

gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcgt cagatcacgt gaccgaggtg 1440

actcacgagt tttacgtcag aaagggtgga gctagaaaga ggcccgcccc caatgacgca 1500

gatataagtg agcccaagcg ggcctgtccg tcagttgcgc agccatcgac gtcagacgcg 1560

gaagctccgg tggactacgc ggacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgtgggtatg 1620

aatctgatgc ttttttccctg ccggcaatgc gagagaatga atcagaatgt ggacatttgc 1680

ttcacgcacg gggtcatgga ctgtgccgag tgcttccccg tgtcagaatc tcaacccgtg 1740

tctgtcgtca gaaagcggac gtatcagaaa ctgtgtccga ttcatcacat catggggagg 1800

gcgcccgagg tggcctgctc ggcctgcgaa ctggccaatg tggacttgga tgactgtgac 1860

atggaacaat aa 1872

<210> 56

<211> 1611

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 56

atgccggggt tctacgagat cgtgctgaag gtgcccagcg acctggacga gcacctgccc 60

ggcatttctg actcttttgt gagctgggtg gccgagaagg aatgggagct gccgccggat 120

tctgacatgg acttgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga aaagctgcaa 180

cgcgagttcc tggtcgagtg gcgccgcgtg agtaaggccc cggaggccct cttctttgtc 240

cagttcgaga agggggacag ctacttccac ctgcacatcc tggtggagac cgtgggcgtc 300

aaatccatgg tggtgggccg ctacgtgagc cagattaaag agaagctggt gacccgcatc 360

taccgcgggg tcgagccgca gcttccgaac tggttcgcgg tgaccaagac gcgtaatggc 420

gccggaggcg ggaacaaggt ggtggacgac tgctacatcc ccaactacct gctccccaag 480

acccagcccg agctccagtg ggcgtggact aacatggacc agtatataag cgcctgtttg 540

aatctcgcgg agcgtaaacg gctggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc gcagacgcag 600

gagcagaaca aggaaaacca gaaccccaat tctgacgcgc cggtcatcag gtcaaaaacc 660

tccgccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctggtggacc gcgggatcac gtcagaaaag 720

caatggatcc aggaggacca ggcgtcctac atctccttca acgccgcctc caactcgcgg 780

tcacaaatca aggccgcgct ggacaatgcc tccaaaatca tgagcctgac aaagacggct 840

ccggactacc tggtgggcca gaacccgccg gaggacattt ccagcaaccg catctaccga 900

atcctcgaga tgaacgggta cgatccgcag tacgcggcct ccgtcttcct gggctgggcg 960

caaaagaagt tcgggaagag gaacaccatc tggctctttg ggccggccac gacgggtaaa 1020

accaacatcg cggaagccat cgcccacgcc gtgcccttct acggctgcgt gaactggacc 1080

aatgagaact ttccgttcaa cgattgcgtc gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc 1140

aagatgacgg ccaaggtcgt agagagcgcc aaggccatcc tgggcggaag caaggtgcgc 1200

gtggaccaaa agtgcaagtc atcggcccag atcgacccaa ctcccgtgat cgtcacctcc 1260

aacaccaaca tgtgcgcggt catcgacgga aactcgacca ccttcgagca ccaacaacca 1320

ctccaggacc ggatgttcaa gttcgagctc accaagcgcc tggagcacga ctttggcaag 1380

gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcgt cagatcacgt gaccgaggtg 1440

actcacgagt tttacgtcag aaagggtgga gctagaaaga ggcccgcccc caatgacgca 1500

gatataagtg agcccaagcg ggcctgtccg tcagttgcgc agccatcgac gtcagacgcg 1560

gaagctccgg tggactacgc ggacagattg gctagaggac aacctctctg a 1611

<210> 57

<211> 1872

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 57

atgccggggt tctacgagat cgtgctgaag gtgcccagcg acctggacga gcacctgccc 60

ggcatttctg actcttttgt gagctgggtg gccgagaagg aatgggagct gccgccggat 120

tctgacatgg acttgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga aaagctgcaa 180

cgcgagttcc tggtcgagtg gcgccgcgtg agtaaggccc cggaggccct cttctttgtc 240

cagttcgaga agggggacag ctacttccac ctgcacatcc tggtggagac cgtgggcgtc 300

aaatccatgg tggtgggccg ctacgtgagc cagattaaag agaagctggt gacccgcatc 360

taccgcgggg tcgagccgca gcttccgaac tggttcgcgg tgaccaagac gcgtaatggc 420

gccggaggcg ggaacaaggt ggtggacgac tgctacatcc ccaactacct gctccccaag 480

acccagcccg agctccagtg ggcgtggact aacatggacc agtatataag cgcctgtttg 540

aatctcgcgg agcgtaaacg gctggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc gcagacgcag 600

gagcagaaca aggaaaacca gaaccccaat tctgacgcgc cggtcatcag gtcaaaaacc 660

tccgccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctggtggacc gcgggatcac gtcagaaaag 720

caatggatcc aggaggacca ggcgtcctac atctccttca acgccgcctc caactcgcgg 780

tcacaaatca aggccgcgct ggacaatgcc tccaaaatca tgagcctgac aaagacggct 840

ccggactacc tggtgggcca gaacccgccg gaggacattt ccagcaaccg catctaccga 900

atcctcgaga tgaacgggta cgatccgcag tacgcggcct ccgtcttcct gggctgggcg 960

caaaagaagt tcgggaagag gaacaccatc tggctctttg ggccggccac gacgggtaaa 1020

accaacatcg cggaagccat cgcccacgcc gtgcccttct acggctgcgt gaactggacc 1080

aatgagaact ttccgttcaa cgattgcgtc gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc 1140

aagatgacgg ccaaggtcgt agagagcgcc aaggccatcc tgggcggaag caaggtgcgc 1200

gtggaccaaa agtgcaagtc atcggcccag atcgacccaa ctcccgtgat cgtcacctcc 1260

aacaccaaca tgtgcgcggt catcgacgga aactcgacca ccttcgagca ccaacaacca 1320

ctccaggacc ggatgttcaa gttcgagctc accaagcgcc tggagcacga ctttggcaag 1380

gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcgt cagatcacgt gaccgaggtg 1440

actcacgagt tttacgtcag aaagggtgga gctagaaaga ggcccgcccc caatgacgca 1500

gatataagtg agcccaagcg ggcctgtccg tcagttgcgc agccatcgac gtcagacgcg 1560

gaagctccgg tggactacgc ggacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgtgggtatg 1620

aatctgatgc ttttccctg ccggcaatgc gagagaatga atcagaatgt ggacatttgc 1680

ttcacgcacg gggtcatgga ctgtgccgag tgcttccccg tgtcagaatc tcaacccgtg 1740

tctgtcgtca gaaagcggac gtatcagaaa ctgtgtccga ttcatcacat catggggagg 1800

gcgcccgagg tggcctgctc ggcctgcgaa ctggccaatg tggacttgga tgactgtgac 1860

atggaacaat aa 1872

<210> 58

<211> 1617

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (162)..(162)

<223> a, c, t, or g

<400> 58

atgcgtgcag cagctggcgg agctgcagtc gagggsggac aaggtgccga tggagtgggt 60

aatgcctcgg gtgattggca ttgcgattcc acctggtctg agggccacgt cacgaccacc 120

agcaccagaa cctgggtctt gcccacctac aacaaccacc tntacaagcg actcggagag 180

agcctgcagt ccaacaccta caacggattc tccacccccct ggggatactt tgacttcaac 240

cgcttccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac tcatcaacaa caactggggc 300

atgcgaccca aagccatgcg ggtcaaaatc ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgacg 360

tcgaacggcg agacaacggt ggctaataac cttaccagca cggttcagat ctttgcggac 420

tcgtcgtacg aactgccgta cgtgatggat gcgggtcaag agggcagcct gcctcctttt 480

cccaacgacg tctttatggt gccccagtac ggctactgtg gactggtgac cggcaacact 540

tcgcagcaac agactgacag aaatgccttc tactgcctgg agtactttcc ttcgcagatg 600

ctgcggactg gcaacaactt tgaaattacg tacagttttg agaaggtgcc tttccactcg 660

atgtacgcgc acagccagag cctggaccgg ctgatgaacc ctctcatcga ccagtacctg 720

tggggactgc aatcgaccac caccggaacc accctgaatg ccgggactgc caccaccaac 780

tttaccaagc tgcggcctac caacttttcc aactttaaaa agaactggct gcccgggcct 840

tcaatcaagc agcagggctt ctcaaagact gccaatcaaa actacaagat ccctgccacc 900

gggtcagaca gtctcatcaa atacgagacg cacagcactc tggacggaag atggagtgcc 960

ctgacccccg gacctccaat ggccacggct ggacctgcgg acagcaagtt cagcaacagc 1020

cagctcatct ttgcggggcc taaacagaac ggcaacacgg ccaccgtacc cgggactctg 1080

atcttcacct ctgaggagga gctggcagcc accaacgcca ccgatacgga catgtggggc 1140

aacctacctg gcggtgacca gagcaacagc aacctgccga ccgtggacag actgacagcc 1200

ttgggagccg tgcctggaat ggtctggcaa aacagagaca tttactacca gggtcccatt 1260

tgggccaaga ttcctcatac cgatggacac tttcacccct caccgctgat tggtgggttt 1320

gggctgaaac acccgcctcc tcaaattttt atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1380

gcaacgacct tcagctctac tccggtaaac tccttcatta ctcagtacag cactggccag 1440

gtgtcggtgc agattgactg ggagatccag aaggagcggt ccaaacgctg gaaccccgag 1500

gtccagttta cctccaacta cggacagcaa aactctctgt tgtgggctcc cgatgcggct 1560

gggaaataca ctgagcctag ggctatcggt acccgctacc tcacccacca cctgtaa 1617

<210> 59

<211> 939

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 59

atggagctgg tcgggtggct ggtggaccgc gggatcacgt cagaaaagca atggatccag 60

gaggaccagg cgtcctacat ctccttcaac gccgcctcca actcgcggtc acaaatcaag 120

gccgcgctgg acaatgcctc caaaatcatg agcctgacaa agacggctcc ggactacctg 180

gtgggccaga acccgccgga ggacatttcc agcaaccgca tctaccgaat cctcgagatg 240

aacgggtacg atccgcagta cgcggcctcc gtcttcctgg gctgggcgca aaagaagttc 300

gggaagagga acaccatctg gctctttggg ccggccacga cgggtaaaac caacatcgcg 360

gaagccatcg cccacgccgt gcccttctac ggctgcgtga actggaccaa tgagaacttt 420

ccgttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc 480

aaggtcgtag agagcgccaa ggccatcctg ggcggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 540

tgcaagtcat cggcccagat cgacccaact cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 600

tgcgcggtca tcgacggaaa ctcgaccacc ttcgagcacc aacaaccact ccaggaccgg 660

atgttcaagt tcgagctcac caagcgcctg gagcacgact ttggcaaggt caccaagcag 720

gaagtcaaag actttttccg gtgggcgtca gatcacgtga ccgaggtgac tcacgagttt 780

tacgtcagaa agggtggagc tagaaagagg cccgccccca atgacgcaga tataagtgag 840

cccaagcggg cctgtccgtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agctccggtg 900

gactacgcgg acagattggc tagaggacaa cctctctga 939

<210> 60

<211> 1197

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 60

atggagctgg tcgggtggct ggtggaccgc gggatcacgt cagaaaagca atggatccag 60

gaggaccagg cgtcctacat ctccttcaac gccgcctcca actcgcggtc acaaatcaag 120

gccgcgctgg acaatgcctc caaaatcatg agcctgacaa agacggctcc ggactacctg 180

gtgggccaga acccgccgga ggacatttcc agcaaccgca tctaccgaat cctcgagatg 240

aacgggtacg atccgcagta cgcggcctcc gtcttcctgg gctgggcgca aaagaagttc 300

gggaagagga acaccatctg gctctttggg ccggccacga cgggtaaaac caacatcgcg 360

gaagccatcg cccacgccgt gcccttctac ggctgcgtga actggaccaa tgagaacttt 420

ccgttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc 480

aaggtcgtag agagcgccaa ggccatcctg ggcggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 540

tgcaagtcat cggcccagat cgacccaact cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 600

tgcgcggtca tcgacggaaa ctcgaccacc ttcgagcacc aacaaccact ccaggaccgg 660

atgttcaagt tcgagctcac caagcgcctg gagcacgact ttggcaaggt caccaagcag 720

gaagtcaaag actttttccg gtgggcgtca gatcacgtga ccgaggtgac tcacgagttt 780

tacgtcagaa agggtggagc tagaaagagg cccgccccca atgacgcaga tataagtgag 840

cccaagcggg cctgtccgtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agctccggtg 900

gactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggtatgaa tctgatgctt 960

tttccctgcc ggcaatgcga gagaatgaat cagaatgtgg acatttgctt cacgcacggg 1020

gtcatggact gtgccgagtg cttccccgtg tcagaatctc aacccgtgtc tgtcgtcaga 1080

aagcggacgt atcagaaact gtgtccgatt catcacatca tggggagggc gcccgaggtg 1140

gcctgctcgg cctgcgaact ggccaatgtg gacttggatg actgtgacat ggaacaa 1197

<210> 61

<211> 245

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 61

ctccatcatc taggtttgcc cactgacgtc aatgtgacgt cctagggtta gggaggtccc 60

tgtattagca gtcacgtgag tgtcgtattt cgcggagcgt agcggagcgc ataccaagct 120

gccacgtcac agccacgtgg tccgtttgcg acagtttgcg acaccatgtg gtcaggaggg 180

tatataaccg cgagtgagcc agcgaggagc tccattttgc ccgcgaattt tgaacgagca 240

gcagc 245

<210> 62

<211> 313

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> MOD_RES

<222> (313)..(313)

<223> Any amino acid

<400> 62

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
1 5 10 15

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
20 25 30

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys
35 40 45

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn
50 55 60

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met
65 70 75 80

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
85 90 95

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
100 105 110

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

115 120 125

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
130 135 140
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
145 150 155 160
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
165 170 175
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
180 185 190

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
195 200 205
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
210 215 220
Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
225 230 235 240
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
245 250 255

Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala
260 265 270
Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
275 280 285
Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp
290 295 300
Arg Leu Ala Arg Gly Gln Pro Leu Xaa
305 310

<210> 63
<211> 399
<212> PRT
<213
> Adeno-associated virus 4
<400> 63
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

1 5 10 15

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

20 25 30

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

35 40 45

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn

50 55 60

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met

65 70 75 80

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

85 90 95

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

100 105 110

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

115 120 125

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

130 135 140

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

145 150 155 160

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

165 170 175

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val

180 185 190

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

195 200 205

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

210 215 220

Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

225 230 235 240

Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val

245 250 255

Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala
260 265 270
Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
275 280 285
Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp
290 295 300
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
305 310 315 320

Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Val Asp Ile Cys
325 330 335
Phe Thr His Gly Val Met Asp Cys Ala Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu
340 345 350
Ser Gln Pro Val Ser Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Gln Lys Leu Cys
355 360 365
Pro Ile His His Ile Met Gly Arg Ala Pro Glu Val Ala Cys Ser Ala
370 375 380

Cys Glu Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Asp Met Glu Gln
385 390 395
<210> 64
<211> 623
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 4
<400> 64
Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15
Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Ser Trp Val Ala Glu
20 25 30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45
Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu
50 55 60
Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Asp Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu

85 90 95

Thr Val Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile

100 105 110

Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu

115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly

130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys

145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Ile

165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His

180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn

195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr

210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

260 265 270

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn

275 280 285

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480
Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala

485 490 495
Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510
Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540
Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Val Asp Ile Cys

545 550 555 560
Phe Thr His Gly Val Met Asp Cys Ala Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu

565 570 575

Ser Gln Pro Val Ser Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Gln Lys Leu Cys

580 585 590

Pro Ile His His Ile Met Gly Arg Ala Pro Glu Val Ala Cys Ser Ala

595 600 605

Cys Glu Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Asp Met Glu Gln

610 615 620

<210> 65

<211> 537

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> MOD_RES

<222> (537)..(537)

<223> Any amino acid

<400> 65

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Ser Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu

50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Asp Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu

85 90 95

Thr Val Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile

100 105 110

Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu

115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly

130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys

145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Ile

165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His

180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn

195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr

210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

260 265 270

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn

275 280 285

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480
Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala

485 490 495
Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510
Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Leu Ala Arg Gly Gln Pro Leu Xaa
530 535

<210> 66
<211> 623
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 4
<400> 66
Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp

1 5 10 15
Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Ser Trp Val Ala Glu
20 25 30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile
35 40 45
Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu

50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Asp Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu

85 90 95

Thr Val Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile

100 105 110

Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu

115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly

130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys

145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Ile

165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His

180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn

195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr

210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

260 265 270

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn

275 280 285

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320
Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480
Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510
Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp

515 520 525
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540
Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Val Asp Ile Cys

545 550 555 560

Phe Thr His Gly Val Met Asp Cys Ala Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu

565 570 575

Ser Gln Pro Val Ser Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Gln Lys Leu Cys

580 585 590

Pro Ile His His Ile Met Gly Arg Ala Pro Glu Val Ala Cys Ser Ala

595 600 605

Cys Glu Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Asp Met Glu Gln

610 615 620

<210> 67

<211> 544

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 67

Met Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val

1 5 10 15

Glu Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp

20 25 30

His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr

35 40 45

Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu

50 55 60

Gly Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp

65 70 75 80

Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp

85 90 95

Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met

100 105 110

Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn

115 120 125

Gly Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe

130 135 140

Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu
145 150 155 160
Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr
165 170 175
Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp
180 185 190
Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
195 200 205

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe
210 215 220
His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
225 230 235 240
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr
245 250 255
Thr Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro
260 265 270

Thr Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile
275 280 285
Lys Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro
290 295 300
Ala Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu
305 310 315 320
Asp Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala
325 330 335

Gly Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly
340 345 350
Pro Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe
355 360 365
Thr Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met
370 375 380

Trp Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr
385 390 395 400

Val Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln
405 410 415
Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
420 425 430
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu
435 440 445
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
450 455 460

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr
465 470 475 480
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln
485 490 495
Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn
500 505 510
Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys
515 520 525

Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
530 535 540

<210> 68
<211> 734
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 4
<400> 68

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15
Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80
Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr

165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn

370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly

385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser

405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile

420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu

435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn

450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln

465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr

485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly

500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 69

<211> 598

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 69

Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro

1 5 10 15

Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys
20 25 30
Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu
35 40 45
Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala
50 55 60

Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly
65 70 75 80
Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His
85 90 95
Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn
100 105 110
His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn
115 120 125

Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys
130 135 140
His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly
145 150 155 160
Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys
165 170 175
Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr
180 185 190

Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val
195 200 205
Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val
210 215 220
Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr
225 230 235 240
Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
245 250 255

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser

260 265 270

Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

275 280 285

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln

290 295 300

Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn

305 310 315 320

Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp

325 330 335

Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn

340 345 350

Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr

355 360 365

Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly

370 375 380

Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser

385 390 395 400

Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val

405 410 415

Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn

420 425 430

Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser

435 440 445

Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val

450 455 460

Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile

465 470 475 480

Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu

485 490 495

Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys

500 505 510

Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro
515 520 525

Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln
530 535 540

Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu
545 550 555 560

Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala
565 570 575

Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg
580 585 590

Tyr Leu Thr His His Leu
595

<210> 70

<211> 129

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 70

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctca ctcactcggc cctgcggcca gaggccggca 60

gtctggagac ctttggtgtc cagggcaggg ccgagtgagt gagcgagcgc gcatagaggg 120

agtggccaa 129

<210> 71

<211> 125

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 71

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctca ctcactcggc cctggagacc aaaggtctcc 60

agactgccgg cctctggccg gcagggccga gtgagtgagc gagcgcgcat agagggagtg 120

gccaa 125

<210> 72

<211> 4768

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (3009)..(3009)

<223> a, c, t, or g

<400> 72

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctca ctcactcggc cctggagacc aaaggtctcc 60

agactgccgg cctctggccg gcagggccga gtgagtgagc gagcgcgcat agagggagtg 120

gccaactcca tcatctaggt ttgcccactg acgtcaatgt gacgtcctag ggttagggag 180

gtccctgtat tagcagtcac gtgagtgtcg tatttcgcgg agcgtagcgg agcgcatacc 240

aagctgccac gtcacagcca cgtggtccgt ttgcgacagt ttgcgacacc atgtggtcag 300

gagggtatat aaccgcgagt gagccagcga ggagctccat tttgcccgcg aattttgaac 360

gagcagcagc catgccgggg ttctacgaga tcgtgctgaa ggtgcccagc gacctggacg 420

agcacctgcc cggcatttct gactcttttg tgagctgggt ggccgagaag gaatgggagc 480

tgccgccgga ttctgacatg gacttgaatc tgattgagca ggcacccctg accgtggccg 540

aaaagctgca acgcgagttc ctggtcgagt ggcgccgcgt gagtaaggcc ccggaggccc 600

tcttctttgt ccagttcgag aaggggggaca gctacttcca cctgcacatc ctggtggaga 660

ccgtgggcgt caaatccatg gtggtgggcc gctacgtgag ccagattaaa gagaagctgg 720

tgacccgcat ctaccgcggg gtcgagccgc agcttccgaa ctggttcgcg gtgaccaaga 780

cgcgtaatgg cgccggaggc gggaacaagg tggtggacga ctgctacatc cccaactacc 840

tgctccccaa gacccagccc gagctccagt gggcgtggac taacatggac cagtatataa 900

gcgcctgttt gaatctcgcg gagcgtaaac ggctggtggc gcagcatctg acgcacgtgt 960

cgcagacgca ggagcagaac aaggaaaacc agaaccccaa ttctgacgcg ccggtcatca 1020

ggtcaaaaac ctccgccagg tacatggagc tggtcgggtg gctggtggac cgcgggatca 1080

cgtcagaaaa gcaatggatc caggaggacc aggcgtccta catctccttc aacgccgcct 1140

ccaactcgcg gtcacaaatc aaggccgcgc tggacaatgc ctccaaaatc atgagcctga 1200

caaagacggc tccggactac ctggtgggcc agaacccgcc ggaggacatt tccagcaacc 1260

gcatctaccg aatcctcgag atgaacgggt acgatccgca gtacgcggcc tccgtcttcc 1320

tgggctgggc gcaaaagaag ttcgggaaga ggaacaccat ctggctcttt gggccggcca 1380

cgacgggtaa aaccaacatc gcggaagcca tcgcccacgc cgtgcccttc tacggctgcg 1440

tgaactggac caatgagaac tttccgttca acgattgcgt cgacaagatg gtgatctggt 1500

gggaggaggg caagatgacg gccaaggtcg tagagagcgc caaggccatc ctgggcggaa 1560

gcaaggtgcg cgtggaccaa aagtgcaagt catcggccca gatcgaccca actcccgtga 1620

tcgtcacctc caacaccaac atgtgcgcgg tcatcgacgg aaactcgacc accttcgagc 1680

accaacaacc actccaggac cggatgttca agttcgagct caccaagcgc ctggagcacg 1740

actttggcaa ggtcaccaag caggaagtca aagacttttt ccggtgggcg tcagatcacg 1800
tgaccgaggt gactcacgag ttttacgtca gaaagggtgg agctagaaag aggcccgccc 1860
ccaatgacgc agatataagt gagcccaagc gggcctgtcc gtcagttgcg cagccatcga 1920
cgtcagacgc ggaagctccg gtggactacg cggacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc 1980
acgtgggtat gaatctgatg ctttttccct gccggcaatg cgagagaatg aatcagaatg 2040
tggacatttg cttcacgcac ggggtcatgg actgtgccga gtgcttcccc gtgtcagaat 2100
ctcaacccgt gtctgtcgtc agaaagcgga cgtatcagaa actgtgtccg attcatcaca 2160

tcatggggag ggcgcccgag gtggcctgct cggcctgcga actggccaat gtggacttgg 2220
atgactgtga catggaacaa taaatgactc aaaccagata tgactgacgg ttaccttcca 2280
gattggctag aggacaacct ctctgaaggc gttcgagagt ggtgggcgct gcaacctgga 2340
gcccctaaac ccaaggcaaa tcaacaacat caggacaacg ctcggggtct tgtgcttccg 2400
ggttacaaat acctcggacc cggcaacgga ctcgacaagg gggaacccgt caacgcagcg 2460
gacgcggcag ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc agctcaaggc cggtgacaac 2520
ccctacctca agtacaacca cgccgacgcg gagttccagc agcggcttca gggcgacaca 2580

ccgtttgggg gcaacctcgg cagagcagtc ttccaggcca aaaagagggt tcttgaacct 2640
cttggtctgg ttgagcaagc gggtgagacg gctcctggaa agaagagacc gttgattgaa 2700
tccccccagc agcccgactc ctccacgggt atcggcaaaa aaggcaagca gccggctaaa 2760
aagaagctcg ttttcgaaga cgaaactgga gcaggcgacg gacccccctga gggatcaact 2820
tccggagcca tgtctgatga cagtgagatg cgtgcagcag ctggcggagc tgcagtcgag 2880
ggsggacaag gtgccgatgg agtgggtaat gcctcgggtg attggcattg cgattccacc 2940
tggtctgagg gccacgtcac gaccaccagc accagaacct gggtcttgcc cacctacaac 3000

aaccacctnt acaagcgact cggagagagc ctgcagtcca acacctacaa cggattctcc 3060
acccccctggg gatactttga cttcaaccgc ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 3120
cagcgactca tcaacaacaa ctggggcatg cgacccaaag ccatgcgggt caaaatcttc 3180
aacatccagg tcaaggaggt cacgacgtcg aacggcgaga caacggtggc taataacctt 3240
accagcacgg ttcagatctt tgcggactcg tcgtacgaac tgccgtacgt gatggatgcg 3300
ggtcaagagg gcagcctgcc tccttttccc aacgacgtct ttatggtgcc ccagtacggc 3360
tactgtggac tggtgaccgg caacacttcg cagcaacaga ctgacagaaa tgccttctac 3420

tgcctggagt actttccttc gcagatgctg cggactggca acaactttga aattacgtac 3480

agttttgaga aggtgccttt ccactcgatg tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg 3540

atgaaccctc tcatcgacca gtacctgtgg ggactgcaat cgaccaccac cggaaccacc 3600

ctgaatgccg ggactgccac caccaacttt accaagctgc ggcctaccaa cttttccaac 3660

tttaaaaaga actggctgcc cgggccttca atcaagcagc agggcttctc aaagactgcc 3720

aatcaaaact acaagatccc tgccaccggg tcagacagtc tcatcaaata cgagacgcac 3780

agcactctgg acggaagatg gagtgccctg acccccggac ctccaatggc cacggctgga 3840

cctgcggaca gcaagttcag caacagccag ctcatctttg cggggcctaa acagaacggc 3900

aacacggcca ccgtacccgg gactctgatc ttcacctctg aggaggagct ggcagccacc 3960

aacgccaccg atacggacat gtggggcaac ctacctggcg gtgaccagag caacagcaac 4020

ctgccgaccg tggacagact gacagccttg ggagccgtgc ctggaatggt ctggcaaaac 4080

agagacattt actaccaggg tcccatttgg gccaagattc ctcataccga tggacacttt 4140

caccctcac cgctgattgg tgggtttggg ctgaaacacc cgcctcctca aatttttatc 4200

aagaacaccc cggtacctgc gaatcctgca acgaccttca gctctactcc ggtaaactcc 4260

ttcattactc agtacagcac tggccaggtg tcggtgcaga ttgactggga gatccagaag 4320

gagcggtcca aacgctggaa ccccgaggtc cagtttacct ccaactacgg acagcaaaac 4380

tctctgttgt gggctcccga tgcggctggg aaatacactg agcctagggc tatcggtacc 4440

cgctacctca cccaccacct gtaataacct gttaatcaat aaaccggttt attcgtttca 4500

gttgaacttt ggtctccgtg tccttcttat cttatctcgt ttccatggct actgcgtaca 4560

taagcagcgg cctgcggcgc ttgcgcttcg cggtttacaa ctgccggtta atcagtaact 4620

tctggcaaac catgatgatg gagttggcca ctccctctat gcgcgctcgc tcactcactc 4680

ggccctggag accaaaggtc tccagactgc cggcctctgg ccggcagggc cgagtgagtg 4740

agcgagcgcg catagaggga gtggccaa 4768

<210> 73

<211> 3098

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 73

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gctgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgacc gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gacccccaac ctctcggaga acctcccgcc gcgccctcag gtctgggatc tggtacaatg 1440

gctgcaggcg gtggcgcacc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtaat 1500

gcctccggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560

acccgcacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcagat atcaagtcag 1620

agcggggcta ccaacgacaa ccacttcttc ggctacagca ccccctgggg ctattttgac 1680

ttcaacagat tccactgcca cttctcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 1740

tggggattcc ggcccagaaa gctgcggttc aagttgttca acatccaggt caaggaggtc 1800

acgacgaacg acggcgttac gaccatcgct aataacctta ccagcacgat tcaggtcttc 1860

tcggactcgg agtaccaact gccgtacgtc ctcggctctg cgcaccaggg ctgcctccct 1920
ccgttccctg cggacgtgtt catgattcct cagtacggat atctgactct aaacaacggc 1980
agtcagtctg tgggacgttc ctccttctac tgcctggagt actttccttc tcagatgctg 2040
agaacgggca ataactttga attcagctac acctttgagg aagtgccttt ccacagcagc 2100
tatgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaatcccc tcatcgacca gtacctgtac 2160
tacctggccc ggacccagag cactacgggg tccacaaggg agctgcagtt ccatcaggct 2220
gggcccaaca ccatggccga gcaatcaaag aactggctgc ccggaccctg ttatcggcag 2280

cagagactgt caaaaaacat agacagcaac aacaacagta actttgcctg gaccggggcc 2340
actaaatacc atctgaatgg tagaaattca ttaaccaacc cgggcgtagc catggccacc 2400
aacaaggacg acgaggacca gttctttccc atcaacggag tgctggtttt tggcgaaacg 2460
ggggctgcca acaagacaac gctggaaaac gtgctaatga ccagcgagga ggagatcaaa 2520
accaccaatc ccgtggctac agaagaatac ggtgtggtct ccagcaacct gcaatcgtct 2580
acggccggac cccagacaca gactgtcaac agccaggggg ctctgcccgg catggtctgg 2640
cagaaccggg acgtgtacct gcagggtccc atctgggcca aaattcctca cacggacggc 2700

aactttcacc cgtctcccct gatgggcgga tttggactca aacacccgcc tcctcaaatt 2760
ctcatcaaaa acaccccggt acctgctaat cctccagagg tgtttactcc tgccaagttt 2820
gcctcattta tcacgcagta cagcaccggc caggtcagcg tggagatcga gtgggaactg 2880
cagaaagaaa acagcaaacg ctggaatcca gagattcagt acacctcaaa ttatgccaag 2940
tctaataatg tggaatttgc tgtcaacaac gaaggggttt atactgagcc tcgccccatt 3000
ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc 3060
gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg gcgaattc 3098

<210> 74
<211> 728
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 74
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Glu Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 75

<211> 2495

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 75

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact agaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180

atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaaaggccag 720

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780

cctcaaccaa tcggagaacc ccccgcaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840

gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 1020

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 1080

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1260

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1320

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1380

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1440

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1500

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1560

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1620

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1680

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac accagtaact ttgcctggac cggggccact 1740

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1800

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1860

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1920

accaatcccg tggctacaga acagtacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1980

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc cagggggctc tgcccggcat ggtctggcag 2040

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 2100

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 2160

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 2220

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2280

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2340

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2400

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttaattcgtt 2460

tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg aattc 2495

<210> 76

<211> 728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 76

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Thr Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 77
<211> 2504
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 77

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180

atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaaaggccag 720

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780

cctcaaccaa tcggagaacc ccccgcaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840

gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 1020

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 1080

aacagattcc actgccactt ctcatcacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140

ggattccggc ccaagagact caacttcaag ctcttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200

cagaatgaag gcaccaagac catcgccaat aaccttacca gcacgattca ggtctttacg 1260

gactcggaat accggctccc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctgcctccg 1320

ttcccggcgg acgtcttcat gattcctcag tacgggtacc tgactctgaa caacggcagt 1380

caggccgtgg gccgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca aatgctgaga 1440

acgggcaaca actttgagtt cagctaccag tttgaggacg tgcctttca cagcagctac 1500

gcgcacagcc aaagcctgga ccggctgatg aacccccctca tcgaccagta cctgtactac 1560

ctgtctcgga ctcagtccac gggaggtacc gcaggaactc agcagttgct attttctcag 1620

gccgggccta ataacatgtc ggctcaggcc aaaaactggc tacccgggcc ctgctaccgg 1680

cagcaacgcg tctccacgac actgtcgcaa aataacaaca gcaactttgc ttggaccggt 1740

gccaccaagt atcatctgaa tggcagagac tctctggtaa atcccggtgt cgctatggca 1800

acgcacaagg acgacgaaga gcgatttttt ccatccagcg gagtcttgat gtttgggaaa 1860

cagggagctg gaaaagacaa cgtggactat agcagcgtta tgctaaccag tgaggaagaa 1920

atcaaaacca ccaacccagt ggccacagaa cagtacggcg tggtggccga taacctgcaa 1980

cagcaaaacg ccgctcctat tgtaggggcc gtcaacagtc aaggagcctt acctggcatg 2040

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcctatct gggccaagat tcctcacacg 2100

gacggcaact ttcatccttc gccgctgatg ggaggctttg gactgaaaca cccgcctcct 2160

cagatcctga ttaagaatac acctgttccc gcggatcctc caactacctt cagtcaagcc 2220

aagccggcgt cgttcatcac gcagtacagc accggacagg tcagcgtgga aattgaatgg 2280

gagctgcaga aagagaacag caagcgctgg aacccagaga ttcagtatac ttccaactac 2340

tacaaatcta caaatgtgga ctttgctgtc aatactgagg gtacttattc agagcctcgc 2400

cccattggca cccgttacct cacccgtaac ctgtaattgc ctgttaatca ataaaccggt 2460

taattcgttt cagttgaact ttggtctctg cgaagggcga attc 2504

<210> 78

<211> 731

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 78

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Ser Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Arg Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly
435 440 445
Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn
450 455 460
Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
500 505 510
Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
530 535 540
Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
565 570 575
Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
580 585 590
Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr

595 600 605

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr

645 650 655

Phe Ser Gln Ala Lys Pro Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr

690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg

705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 79

<211> 3128

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 79

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480
gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540
acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660
gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720
ggaaactctg tgccattcat catctgctag ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780
gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960
gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320
atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380
tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920
gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040
tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220

actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280

tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340

aacagcaact ttgcttggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400

gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460

agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520

gttatgctaa ccagtgagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640

agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940

gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000

gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa 3060

ttgcctgtta atcaataaac cggctaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120

gcgaattc 3128

<210> 80

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 80

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 81
<211> 3084
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 81

gaattcgccc tttctacggc tgcatcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagttcg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac caagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gcggagccag caaaagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

aaacgtgcga gaaaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg gtcagagact 660

gctcagaatg tttccccggt gcatcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aaaacgtatc 720

agaaactgtg tgccattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggacgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggcttgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca cctcagcgtt cccccgactc ctccacgggc 1320

atcggcaaga aaggccacca gcccgcgaga aagagactga actttgggca gactggcgac 1380

tcggagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca tctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc actaacgaca acacctactt tggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaataa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
accagcacga ttcaggtgtt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt ccccggctct 1920
gcgcaccagg gctgcctccc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
tatctgaccc taaacaatgg cagtcaggct gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggaa 2040
tacttccctt ctcaaatgct gaggacgggc aacaactttg aattcagcta caccttcgag 2100
gacgtgcctt tccacagcag ctacgcgcac agccagagcc tggaccggct gatgaaccct 2160
ctcatcgacc agtacctgta ttacttatcc agaactcagt ccacaggagg aactcaaggt 2220

actcagcaat tgttattttc tcaagccggg cccgcaaaca tgtcggctca ggccaagaac 2280
tggctacctg gaccgtgtta ccgtcagcaa cgagtttcca cgacactgtc gcaaaacaac 2340
aacagcaatt ttgcttggac cggtgccacc aagtatcacc tgaatggcag agactccctg 2400
gttaatcccg gcgttgccat ggctacccac aaggacgacg aggagcgctt cttcccgtca 2460
agcggagttc taatgtttgg caagcagggg gctggaaaag acaatgtgga ctacagcagc 2520
gtgatgctca ccagcgaaga agaaattaaa actactaacc cagtggctac agagcagtat 2580
ggtgtggtgg cagacaacct gcagcagacc aacggagctc ccattgtggg aactgtcaac 2640

agccaggggg ccttacctgg tatggtctgg caaaaccggg acgtgtacct gcagggcccc 2700
atctgggcca aaattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760
tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctggtgaaaa acactcctgt tcctgcggat 2820
cctccgacca ccttcagcca ggccaagctg gcttctttta tcacgcagta cagcaccgga 2880
caggtcagcg tggaaatcga atgggagctg cagaaagaaa acagcaagcg ctggaaccca 2940
gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000
gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcactcgtt atctcacccg taatctgtaa 3060

ttgcttgtta atcaataaac cggt 3084

<210> 82
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 82

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 83

<211> 3123

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 83

gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60

gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120

aaggccattc tcggcggcag caaggtgcgc gtggaccaaa agtgcaagtc gtccgcccag 180

atcgacccca cccccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg 240

aacagcacca ccttcgagca ccagcagccg ttgcaggacc ggatgttcaa gttcgaactc 300

acccgccgtc tggagcacga ctttggcaag gtgaccaagc aggaagtcaa agagttcttc 360

cgctgggcgc aggatcacgt gaccgaggtg gcgcatgagt tctacgtcag aaagggcgga 420

gccagcaaaa gacccgcccc cgatgacgcg gatataagcg agcccaagcg ggcctgcccc 480

tcagtcgcgg atccatcgac gtcagacgcg gaaggagctc cggtggactt tgccgacagg 540

taccaaaaca aatgttctcg tcacgcgggc atgctccaga tgctgtttcc ctgcaaaacg 600

tgcgagagaa tgaatcagaa tttcaacatt tgcttcacgc acggggtcag agactgctca 660

gaatgtttcc ccggtgcatc agaatctcaa ccggtcgtca gaaaaaaaac gtatcagaaa 720

ctgtgtgcca ttcatcatct gctggggcgg gcacccgaga ttgcttgctc ggcctgcgat 780

ctggtcaacg tggacctgga cgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggtat 840

ggctgccgat ggttatcttc cagattggct tgaggacaac ctctctgagg gcattcgcga 900

gtggtgggac ctgaaacctg gagccccgaa acccaaagcc aaccagcaaa agcaggacga 960

cggccggggt ctggtgcttc ctggctacaa gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa 1020

gggggagccc gtcaacgcgg cggacgcagc ggccctcgag cacgacaagg cctacgacca 1080

gcagctcaaa gcgggtgaca atccgtacct gcggtataac cacgccgacg ccgagtttca 1140

ggagcgtctg caagaagata cgtcttttgg gggcaacctc gggcgagcag tcttccaggc 1200

caagaagcgg gttctcgaac ctctcggtct ggttgaggaa ggcgctaaga cggctcctgg 1260

aaagaagaga ccggtagagc catcacctca gcgttccccc gactcctcca cgggcatcgg 1320

caagaaaggc caccagcccg cgagaaagag actgaacttt gggcagactg gcgactcgga 1380

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 1440

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg 1500

agtgggtagt tcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 1560

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccatctct acaagcaaat 1620

ctccaacggg acatcgggag gaagcactaa cgacaacacc tactttggct acagcacccc 1680

ctgggggtat tttgacttca acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg 1740

actcatcaac aataactggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat 1800

ccaggtcaag gaggtcacgc agaatgaagg caccaagacc atcgccaata accttaccag 1860

cacgattcag gtgtttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca 1920

ccagggctgc ctccctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtatct 1980

gaccctaaac aatggcagtc aggctgtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggaatactt 2040

cccttctcaa atgctgagga cgggcaacaa ctttgaattc agctacacct tcgaggacgt 2100

gcctttccac agcagctacg cgcacagcca gagcctggac cggctgatga accctctcat 2160

cgaccagtac ctgtattact tatccagaac tcagtccaca ggaggaactc aaggtactca 2220

gcaattgtta ttttctcaag ccgggcccgc aaacatgtcg gctcaggcca agaactggct 2280

acctggaccg tgttaccgtc agcaacgagt ttccacgaca ctgtcgcaaa acaacaacag 2340

caattttgct tggaccggtg ccaccaagta tcacctgaat ggcagagact ccctggttaa 2400

tcccggcgtt gccatggcta cccacaagga cgacgaggag cgcttcttcc cgtcaagcgg 2460

agttctaatg tttggcaagc agggggctgg aaaagacaat gtggactaca gcagcgtgat 2520

gctcaccagc gaagaagaaa ttaaaactac taacccagtg gctacagagc agtatggtgt 2580

ggtggcagac aacctgcagc agaccaacgg agctcccatt gtgggaactg tcaacagcca 2640

gggggcctta cctggtatgg tctggcaaaa ccgggacgtg tacctgcagg gccccatctg 2700

ggccaaaatt cctcacacgg acggcaactt tcatccttcg ccgctgatgg gaggctttgg 2760

actgaaacac ccgcctcctc agatcctggt gaaaaacact cctgttcctg cggatcctcc 2820

gaccaccttc agccaggcca agctggcttc ttttatcacg cagtacagca ccggacaggt 2880

cagcgtggaa atcgaatggg agctgcagaa agaaaacagc aagcgctgga acccagagat 2940

tcagtatact tccaactact acaaatctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg 3000

tacttattca gagcctcgcc ccattggcac tcgttatctc acccgtaatc tgtaattgct 3060

tgttaatcaa taaaccggtt aattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa 3120

ttc 3123

<210> 84

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 84

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 85

<211> 3122

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 85

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgtgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag cgccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac gaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttccac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaagcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataatcacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagactggt agagcagtcg ccacaagagc cagactcctc ctcgggcatc 1320

ggcaagacag gccagcagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 1380

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag cagccccctc aggtctggga 1440

cctaatacaa tggcttcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 1500

ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 1560

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 1620

atctccaacg gcacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctattttgg ctacagcacc 1680

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact tttcaccacg tgactggcaa 1740

cgactcatca acaacaattg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgttcaac 1800

atccaggtca aggaagtcac gacgaacgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taatctcacc 1860

agcaccgtgc aggtctttac ggactcggag taccagttac cgtacgtgct aggatccgct 1920

caccagggat gtctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca cggttcctca gtacggctat 1980

ttaactttaa acaatggaag ccaagccctg ggacgttcct ccttctactg tctggagtat 2040

ttcccatcgc agatgctgag aaccggcaac aactttcagt tcagctacac cttcgaggac 2100

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg acaggctgat gaatcccctc 2160

atcgaccagt acctgtacta cctggtcaga acgcaaacga ctggaactgg agggacgcag 2220

actctggcat tcagccaagc gggtcctagc tcaatggcca accaggctag aaattgggtg 2280

cccggacctt gctaccggca gcagcgcgtc tccacgacaa ccaaccagaa caacaacagc 2340

aactttgcct ggacgggagc tgccaagttt aagctgaacg gccgagactc tctaatgaat 2400

ccgggcgtgg caatggcttc ccacaaggat gacgacgacc gcttcttccc ttcgagcggg 2460

gtcctgattt ttggcaagca aggagccggg aacgatggag tggattacag ccaagtgctg 2520

attacagatg aggaagaaat caaggctacc aaccccgtgg ccacagaaga atatggagca 2580

gtggccatca acaaccaggc cgccaatacg caggcgcaga ccggactcgt gcacaaccag 2640

ggggtgattc ccggcatggt gtggcagaat agagacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 2700

gccaaaattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc ccctgatggg cggctttgga 2760

ctgaagcacc cgcctcctca aattctcatc aagaacacac cggttccagc ggacccgccg 2820

cttaccttca accaggccaa gctgaactct ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc 2880

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa tccagagatt 2940

caatacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa cacggaagga 3000

gtttatagcg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgcaacct gtaattacat 3060

gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120

tc 3122

<210> 86

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 86

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Leu Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Thr Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 87

<211> 3117

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 87

gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60

gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120

aaggccattc tcggcggcag caaggtgcgt gtggaccaaa agtgcaagtc ttccgcccag 180

atcgatccca cccccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg 240

aacagcacca ccttcgagca ccagcagccg ttgcaggacc ggatgttcaa atttgaactc 300

acccgccgtc tggagcatga ctttggcaag gtgacgaagc aggaagtcaa agagttcttc 360

cgctgggcgc aggatcacgt gaccgaggtg gcgcatgagt tccacgtcag aaagggtgga 420

gccaacaaga gacccgcccc cgatgacgcg gatataagcg agcccaagcg ggcctgcccc 480

tcagtcgcgg atccatcgac gtcagacgcg gaaggagctc cggtggactt tgccgacagg 540

taccaaaaca aatgttctcg tcacgcgggc atgcttcaga tgctgtttcc ctgcaagaca 600

tgcgagagaa tgaatcagaa tttcaacatt tgcttcacgc acgggaccag agactgttca 660

gaatgtttcc ccggcgtgtc agaatctcaa ccggtcgtca gaaagaggac gtatcggaaa 720

ctctgtgcga ttcatcatct gctggggcgg gctcccgaga ttgcttgctc ggcctgcgat 780

ctggtcaacg tggacctgga tgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggtat 840

ggctgccgat ggttatcttc cagattggct cgaggacaac ctctctgagg gcattcgcga 900

gtggtgggac ttgaaacctg gagccccgaa acccaaagcc aaccagcaaa agcaggacga 960

cggccggggt ctggtgcttc ctggctacaa gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa 1020

gggggagccc gtcaacgcgg cggacgcagc ggccctcgag cacgacaaag cctacgacca 1080

gcagctcaaa gcgggtgaca atccgtacct gcggtataat cacgccgacg ccgagtttca 1140

ggagcgtctg caagaagata cgtcttttgg gggcaacctc gggcgagcag tcttccaggc 1200

caagaagcgg gttctcgaac ctctcggtct ggttgaggaa ggcgctaaga cggctcctgg 1260

aaagaagaga ccggtagagc agtcgccaca agagccagac tcctcctcgg gcatcggcaa 1320

gacaggccag cagcccgcta aaaagagact caattttggt cagactggcg actcagagtc 1380

agtccccgac ccacaacctc tcggagaacc tccagcagcc ccctcaggtc tgggacctaa 1440

tacaatggct tcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt 1500

gggtaattcc tcgggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggggaca gagtcatcac 1560

caccagcacc cgaacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcaaatctc 1620

caacggcacc tcgggaggaa gcaccaacga caacacctat tttggctaca gcacccctg 1680

ggggtatttt gacttcaaca gattccactg tcacttttca ccacgtgact ggcaacgact 1740

catcaacaac aattggggat tccggcccaa aagactcaac ttcaagctgt tcaacatcca 1800

ggtcaaggaa gtcacgacga acgaaggcac caagaccatc gccaataatc tcaccagcac 1860

cgtgcgggtc tttacggact cggagtacca gttaccgtac gtgctaggat ccgctcacca 1920

gggatgtctg cctccgttcc cggcggacgt cttcatggtt cctcagtacg gctatttaac 1980

tttaaacaat ggaagccaag ccctgggacg ttcctccttc tactgtctgg agtatttccc 2040

atcgcagatg ctgagaaccg gcaacaactt tcagttcagc tacaccttcg aggacgtgcc 2100

tttccacagc agctacgcgc acagccagag cctggacagg ctgatgaatc ccctcatcga 2160

ccagtacctg tactacctgg tcagaacgca aacgactgga actggaggga cgcagactct 2220

ggcattcagc caagcgggtc ctagctcaat ggccaaccag gctagaaatt gggtgcccgg 2280

accttgctac cggcagcagc gcgtctccac gacaaccaac cagagcaaca acagcaactt 2340

tgcctggacg ggagctgcca agtttaagct gaacggccga gactctctaa tgaatccggg 2400

cgtggcaatg gcttcccaca aggatgacga cgaccgcttc ttcccttcga gcggggtcct 2460

gatttttggc aagcaaggag ccgggaacga tggagtggat tacagccaag tgctgattac 2520

agatgaggaa gaaatcaagg ctaccaaccc cgtggccaca gaagaatatg gagcagtggc 2580

catcaacaac caggccgcca atacgcaggc gcagaccgga ctcgtgcaca accaggggggt 2640

gattcccggc atggtgtggc agaatagaga cgtgtacctg cagggtccca tctgggccaa 2700

aattcctcac acggacggca actttcaccc gtctcccctg atgggcggct ttggactgaa 2760

gcacccgcct cctcaaattc tcatcaagaa cacaccggtt ccagcggacc cgccgcttac 2820

cttcaaccag gccaagctga actctttcat cacgcagtac agcaccggac aggtcagcgt 2880

ggaaatcgag tgggagctgc agaaagaaaa cagcaaacgc tggaatccag agattcaata 2940

cacttccaac tactacaaat ctacaaatgt ggactttgct gtcaacacgg aaggagttta 3000

tagcgagcct cgccccattg gcacccgtta cctcacccgc aacctgtaat tacatgttaa 3060

tcaataaacc ggttaattcg tttcagttga actttggtct ctgcgaaggg cgaattc 3117

<210> 88

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 88

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Arg Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Ser
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 89

<211> 3121

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 89

gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgattg 60

cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 120

cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgtgtggac caaaagtgca agtcttccgc 180

ccagatcgat cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240

cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatttga 300

actcacccgc cgtctggagc atgactttgg caaggtgacg aagcaggaag tcaaagagtt 360

cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttccacg tcagaaaggg 420

tggcgccaac aagagacccg cccccgatga cgcggatata agcgagccca agcgggcctg 480

cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtgg actttgccga 540

caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 600

gacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga ccagagactg 660

ttcagaatgt ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 720

gaaactctgt gcgattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 780

cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 840

gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 900

gcgagtggtg ggacttgaaa cctggagccc cgaaacccaa agccaaccag caaaagcagg 960

acgacggccg gggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 1020

acaaggggga gcccgtcaac gcggcggacg cagcggccct cgagcacgac aaagcctacg 1080

accagcagct caaagcgggt gacaatccgt acctgcggta taatcacgcc gacgccgagt 1140

ttcaggagcg tctgcaagaa gatacgtcct ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 1200

aggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 1260

ctggaaagaa gagaccggta gagcagtcgc cacaagagcc agactcctcc tcgggcatcg 1320

gcaagacagg ccagcagccc gctaaaaaga gactcaattt tggtcagact ggcgactcag 1380

agtcagtccc cgacccacaa cctctcggag aacctccagc agccccctca ggtctgggac 1440

ctaatacaat ggcttcaggc ggtggcgctc caatggcaga caataacgaa ggcgccgacg 1500

gagtgggtaa ttcctcggga aattggcatt gcgattccac atggctgggg gacagagtca 1560

tcaccaccag cacccgaacc tgggccctgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcaaa 1620

tctccaacgg cacctcggga ggaagcacca acgacaacac ctattttggc tacagcaccc 1680

cctgggggta ttttgacttc aacagattcc actgtcactt ttcaccacgt gactggcaac 1740

gactcatcaa caacaattgg ggattccggc ccaaaagact caacttcaag ctgttcaaca 1800

tccaggtcaa ggaagtcacg acgaacgaag gcaccaagac catcgccaat aatctcacca 1860

gcaccgtgca ggtctttacg gacttggagt accagttacc gtacgtgcta ggatccgctc 1920

accagggatg tctgcctccg ttcccggcgg acgtcttcat ggttcctcag tacggctatt 1980

taactttaaa caatggaagc caagccctgg gacgttcctc cttctactgt ctggagtatt 2040

tcccatcgca gatgccgaga accggcaaca actttcagtt cagctacacc ttcgaggacg 2100

tgcctttcca cagcagctac gcgcacagcc agagcctgga caggctgatg aatcccctca 2160

tcgaccagta cctgtactac ctggtcagaa cgcaaacgac tggaactgga gggacgcaga 2220

ctctggcatt cagccaagcg ggtcctagct caatggccaa ccaggctaga aattgggtgc 2280

ccggaccttg ctaccggcag cagcgcgtct ccacgacaac caaccagaac aacaacagca 2340

actttgcctg gacgggagct gccaagttta agctgaacgg ccgagactct ctaatgaatc 2400

cgggcgtggc aatggcttcc cacaaggatg acgacgaccg cttcttccct tcgagcgggg 2460

tcctgatttt tggcaagcaa ggagccggga acgatggagt ggattacagc caagtgctga 2520

ttacagatga ggaagaaatc aaggctacca accccgtggc cacagaagaa tatggagcag 2580

tggccatcaa caaccaggcc gccaatacgc aggcgcagac cggactcgtg cacaaccagg 2640

gggtgattcc cggcatggtg tggcagaata gagacgtgta cctgcagggt cccatctggg 2700

ccaaaattcc tcacacggac ggcaactttc acccgtctcc cctgatgggc ggctttggac 2760

tgaagcaccc gcctcctcaa attctcatca agaacacacc ggttccagcg gacccgccgc 2820

ttaccttcaa ccaggccaag ctgaactctt tcatcacgca gtacagcacc ggacaggtca 2880

gcgtggaaat cgagtgggag ctgcagaaag aaaacagcaa acgctggaat ccagagattc 2940

aatacacttc caactactac aaatctacaa atgtggactt tgctgtcaac acggaaggag 3000

tttatagcga gcctcgcccc attggcaccc gttacctcac ccgcaacctg taattacatg 3060

ttaatcaata aaccggttaa ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 90

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 90

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Pro Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 91
<211> 3122
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 91

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgtgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac gaagcaggaa gtcaaagggt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttccac gtgcgagccc 420

aagcgggcct gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag accagaaagg gtggagccaa 480

caagagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaagcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataatcacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagcagtcg ccacaagagc cagactcctc ctcgggcatc 1320

ggcaagacag gccagcagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 1380

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag cagccccctc aggtctggga 1440

cctaatacaa tggcttcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 1500

ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 1560

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 1620

atctccaacg gcacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctattttgg ctacagcacc 1680

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact tttcaccacg tgactggcaa 1740

cgactcatca acaacaattg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgttcaac 1800
atccaggtca aggaagtcac gacgaacgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taatctcacc 1860
agcaccgtgc aggtctttac ggactcggag taccagttac cgtacgtgct aggatccgct 1920
caccagggat gtctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tggttcctca gtacggctat 1980
ttaactttaa acaatggaag ccaagccctg ggacgttcct ccttctactg tctggagtat 2040
ttcccatcgc agatgctgag aaccggcaac aactttcagt tcagctacac cttcgaggac 2100
gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg acaggctgat gaatcccctc 2160

atcgaccagt acctgtacta cctggtcaga acgcaaacga ctggaactgg agggacgcag 2220
actctggcat tcagccaagc gggtcctagc tcaatggcca accaggctag aaattgggtg 2280
cccggacctt gctaccggca gcagcgcgtc tccacgacaa ccaaccagaa caacaacagc 2340
aactttgcct ggacgggagc tgccaagttt aagctgaacg gccgagactc tctaatgaat 2400
ccgggcgtgg caatggcttc ccacaaggat gacgacgacc gcttcttccc ttcgagcggg 2460
gtcctgattt ttggcaagca aggagccggg aacgatggag tggattacag ccaagtgctg 2520
attacagatg aggaagaaat caaggctacc aaccccgtgg ccacagaaga atatggagca 2580

gtggccatca acaaccaggc cgccaatacg caggcgcaga ccggactcgt gcacaaccag 2640
ggggtgattc ccggcatggt gtggcagaat agagacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 2700
gccaaaattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc ccctgatggg cggctttgga 2760
ctgaagcacc cgcctcctca aattctcatc aagaacacac cggttccagc ggacccgccg 2820
cttaccttca accaggccaa gctgaactct ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc 2880
agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa tccagagatt 2940
caatacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa cacggagggg 3000

gtttatagcg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgcaacct gtaattacat 3060
gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120
tc 3122

<210> 92
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 92

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 93

<211> 2370

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 93

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagttcg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac caagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gcggagccag caaaagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagacgctg tttccctgca 600

aaacgtgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg gtcagagact 660

gctcagaatg tttccccggt gcatcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aaaacgtatc 720

agaaactgtg tgccattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggacgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggcttgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca cctcagcgtt cccccgactc ctccacgggc 1320

atcggcaaga aaggccacca gcccgcgaga aagagactga actttgggca gactggcgac 1380

tcggagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca tctctacaag 1620
caaatctcca acgggacatc gggaggaagc actaacgaca acacctactt tggctacagc 1680
acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
cagcgactca tcaacaataa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800
aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtgtt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920
gcgcaccagg gctgcctccc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
tatctgaccc taaacaatgg cagtcaggct gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggaa 2040
tacttccctt ctcaaatgct gaggacgggc aacaactttg aattcagcta caccttcgag 2100
gacgtgcctt tccacagcag ctacgcgcac agccagagcc tggaccggct gatgaaccct 2160
ctcatcgacc agtacctgta ttacttatcc agaactcagt ccacaggagg aactcaaggt 2220
actcagcaat tgttattttc tcaagccggg cccgcaaaca tgtyggctca ggccaagaac 2280

tggctacctg gaccgtgtta ccgtcagcaa cgagtttcca cgacactgtc gcaaaacaac 2340
aacagcaatt ttgctggacc ggtgccacca 2370

<210> 94
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 94

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735
Asn Leu

<210> 95
<211> 2205
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 95

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc aacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 96

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 96

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480
Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 97

<211> 3128

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 97

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatgttgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagccgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgcg ggaccggatg ttcaagtttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600
aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660
gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aagacgtatc 720
ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780
gcgatctggt caacgtggac ctagatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840
ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900
cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020
gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080
gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140
tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200
caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260
cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320
atcggcaaga aaggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440
ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500
gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560
gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620
caaatctcca acgggacttc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680
acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740
cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860
accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920
gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
tacctgactc tgaacaatgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040
tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220

actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280

tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340

aacagcaact gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacccac aaggacgacg aagagcgatt 2400

ttgcctggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg ttttccgtcc 2460

agcggagtct taatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520

gttatgctaa ccagtgagga agaaattaaa accaccaacc cagtggccac ggaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640

agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

atctgggcca agattcctca cacggacgga aactttcatc cctcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agctaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaaa acagcaaacg ctggaaccca 2940

gagattcaat acacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggacttcgc tgttaacaca 3000

gatggcactt attctgagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taatctgtaa 3060

ttgctcgtta atcaataaac cggttgattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120

gcgaattc 3128

<210> 98

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 98

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735
Asn Leu

<210> 99
<211> 3128
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 99

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagtttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt tgtcagaaaa aagacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctagatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga aaggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacttc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gacccaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980
tacctgactc tgaacaatgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040
tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340

aacagcaact ttgcctggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400
gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacccac aaggacgacg aagagcgatt ttttccgtcc 2460
agcggagtct taatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
gttatgctaa ccagtgagga agaaattaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580
ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640
agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
atctgggcca agattcctca cacggacgga aactttcatc cctcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820
cctccaacta ccttcagtca agctaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880
caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaaa acagcaaacg ctggaaccca 2940
gagattcaat acacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgttaacaca 3000
gatggcactt attctgagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taatctgtaa 3060
ttgcttgtta atcaataaac cggttgattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120
gcgaattc 3128

<210> 100
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 100
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Pro Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

```
            500                 505                 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
        515                 520                 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
    530                 535                 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545                 550                 555                 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
                565                 570                 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
            580                 585                 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
        595                 600                 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
    610                 615                 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625                 630                 635                 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
                645                 650                 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
            660                 665                 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
        675                 680                 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
    690                 695                 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705                 710                 715                 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
                725                 730                 735
Asn Leu
```

<210> 101

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 101

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 102
<211> 2172
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 102
atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tt 2172

<210> 103

<211> 720

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 103

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

<210> 104

<211> 724

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 5

<400> 104

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 105

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 105

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 106

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 106

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctg 2208

<210> 107

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 107

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 108

<211> 623

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 108

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15
Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20 25 30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile
35 40 45
Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu
50 55 60
Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80
Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu
85 90 95
Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
100 105 110
Arg Asp Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Ile Glu Pro Thr Leu
115 120 125
Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Glu Tyr Ile
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala His Asp
180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270
Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ala
275 280 285
Pro Pro Ala Asp Ile Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Leu
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320
Gln Lys Arg Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

435 440 445
Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Gln Asp His Val Thr Glu Val

465 470 475 480

Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Asn Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Pro Asp Asp Ala Asp Lys Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val

500 505 510

Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala

515 520 525

Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Leu Gln Met

530 535 540

Leu Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile

545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Thr Arg Asp Cys Ser Glu Cys Phe Pro Gly Val

565 570 575

Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Arg Lys Leu Cys

580 585 590

Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala

595 600 605

Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln

610 615 620

<210> 109

<211> 4683

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 109

ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc 60

cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120

gccaactcca tcactagggg ttcctggagg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180

ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240

gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300

ggtttgaacg cgcagcgcca tgccggggtt ttacgagatt gtgattaagg tccccagcga 360

ccttgacgag catctgcccg gcatttctga cagctttgtg aactgggtgg ccgagaagga 420

atgggagttg ccgccagatt ctgacatgga tctgaatctg attgagcagg cacccctgac 480

cgtggccgag aagctgcagc gcgacttcct ggtccagtgg cgccgcgtga gtaaggcccc 540

ggaggccctc ttctttgttc agttcgagaa gggcgagtcc tacttccacc tccatattct 600

ggtggagacc acgggggtca aatccatggt gctgggccgc ttcctgagtc agattaggga 660

caagctggtg cagaccatct accgcgggat cgagccgacc ctgcccaact ggttcgcggt 720

gaccaagacg cgtaatggcg ccggaggggg gaacaaggtg gtggacgagt gctacatccc 780

caactacctc ctgcccaaga ctcagcccga gctgcagtgg gcgtggacta acatggagga 840

gtatataagc gcgtgtttaa acctggccga gcgcaaacgg ctcgtggcgc acgacctgac 900

ccacgtcagc cagacccagg agcagaacaa ggagaatctg aaccccaatt ctgacgcgcc 960

tgtcatccgg tcaaaaacct ccgcacgcta catggagctg gtcgggtggc tggtggaccg 1020

gggcatcacc tccgagaagc agtggatcca ggaggaccag gcctcgtaca tctccttcaa 1080

cgccgcctcc aactcgcggt cccagatcaa ggccgctctg gacaatgccg gcaagatcat 1140

ggcgctgacc aaatccgcgc ccgactacct ggtaggcccc gctccgcccg ccgacattaa 1200

aaccaaccgc atttaccgca tcctggagct gaacggctac gaccctgcct acgccggctc 1260

cgtctttctc ggctgggccc agaaaaggtt cggaaaacgc aacaccatct ggctgtttgg 1320

gccggccacc acgggcaaga ccaacatcgc ggaagccatc gcccacgccg tgcccttcta 1380

cggctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg acaagatggt 1440

gatctggtgg gaggagggca agatgacggc caaggtcgtg gagtccgcca aggccattct 1500

cggcggcagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtcg tccgcccaga tcgatcccac 1560

ccccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga acagcaccac 1620

cttcgagcac cagcagccgt tgcaggaccg gatgttcaaa tttgaactca cccgccgtct 1680

ggagcatgac tttggcaagg tgacaaagca ggaagtcaaa gagttcttcc gctgggcgca 1740

ggatcacgtg accgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggtggag ccaacaagag 1800

acccgccccc gatgacgcgg ataaaagcga gcccaagcgg gcctgccct cagtcgcgga 1860

tccatcgacg tcagacgcgg aaggagctcc ggtggacttt gccgacaggt accaaaacaa 1920

atgttctcgt cacgcgggca tgcttcagat gctgtttccc tgcaaaacat gcgagagaat 1980

gaatcagaat ttcaacattt gcttcacgca cgggaccaga gactgttcag aatgtttccc 2040

cggcgtgtca gaatctcaac cggtcgtcag aaagaggacg tatcggaaac tctgtgccat 2100

tcatcatctg ctggggcggg ctcccgagat tgcttgctcg gcctgcgatc tggtcaacgt 2160

ggatctggat gactgtgttt ctgagcaata aatgacttaa accaggtatg gctgccgatg 2220

gttatcttcc agattggctc gaggacaacc tctctgaggg cattcgcgag tggtgggact 2280

tgaaacctgg agccccgaaa cccaaagcca accagcaaaa gcaggacgac ggccggggtc 2340

tggtgcttcc tggctacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggggagcccg 2400

tcaacgcggc ggatgcagcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag cagctcaaag 2460

cgggtgacaa tccgtacctg cggtataacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtctgc 2520

aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc aagaagaggg 2580

ttctcgaacc ttttggtctg gttgaggaag gtgctaagac ggctcctgga aagaaacgtc 2640

cggtagagca gtcgccacaa gagccagact cctcctcggg cattggcaag acaggccagc 2700

agcccgctaa aaagagactc aattttggtc agactggcga ctcagagtca gtccccgacc 2760

cacaacctct cggagaacct ccagcaaccc ccgctgctgt gggacctact acaatggctt 2820

caggcggtgg cgcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg ggtaatgcct 2880

caggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc accagcaccc 2940

gaacatgggc cttgcccacc tataacaacc acctctacaa gcaaatctcc agtgcttcaa 3000

cgggggccag caacgacaac cactacttcg gctacagcac cccctggggg tattttgatt 3060

tcaacagatt ccactgccat ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc aacaacaatt 3120

ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctcttcaa catccaagtc aaggaggtca 3180

cgacgaatga tggcgtcacg accatcgcta ataaccttac cagcacggtt caagtcttct 3240

cggactcgga gtaccagttg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc tgcctccctc 3300

cgttcccggc ggacgtgttc atgattccgc agtacggcta cctaacgctc aacaatggca 3360

gccaggcagt gggacggtca tccttttact gcctggaata tttcccatcg cagatgctga 3420

gaacgggcaa taactttacc ttcagctaca ccttcgagga cgtgcctttc cacagcagct 3480

acgcgcacag ccagagcctg gaccggctga tgaatcctct catcgaccag tacctgtatt 3540

acctgaacag aactcagaat cagtccggaa gtgcccaaaa caaggacttg ctgtttagcc 3600

gggggtctcc agctggcatg tctgttcagc ccaaaaactg gctacctgga ccctgttacc 3660

ggcagcagcg cgtttctaaa acaaaaacag acaacaacaa cagcaacttt acctggactg 3720

gtgcttcaaa atataacctt aatgggcgtg aatctataat caaccctggc actgctatgg 3780

cctcacacaa agacgacaaa gacaagttct ttcccatgag cggtgtcatg atttttggaa 3840

aggagagcgc cggagcttca aacactgcat tggacaatgt catgatcaca gacgaagagg 3900

aaatcaaagc cactaacccc gtggccaccg aaagatttgg gactgtggca gtcaatctcc 3960

agagcagcag cacagaccct gcgaccggag atgtgcatgt tatgggagcc ttacctggaa 4020

tggtgtggca agacagagac gtatacctgc agggtcctat ttgggccaaa attcctcaca 4080

cggatggaca ctttcacccg tctcctctca tgggcggctt tggacttaag cacccgcctc 4140

ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag ttttcggcta 4200

caaagtttgc ttcattcatc acccagtatt ccacaggaca agtgagcgtg gagattgaat 4260
gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatcccga agtgcagtat acatctaact 4320
atgcaaaatc tgccaacgtt gatttcactg tggacaacaa tggactttat actgagcctc 4380
gccccattgg cacccgttac ctcacccgtc ccctgtaatt gtgtgttaat caataaaccg 4440
gttaattcgt gtcagttgaa ctttggtctc atgtcgttat tatcttatct ggtcaccata 4500
gcaaccggtt acacattaac tgcttagttg cgcttcgcga ataccctag tgatggagtt 4560
gcccactccc tctatgcgcg ctcgctcgct cggtggggcc ggcagagcag agctctgccg 4620

tctgcggacc tttggtccgc aggccccacc gagcgagcga gcgcgcatag agggagtggg 4680
caa 4683

<210> 110
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 110

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 111

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 111

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 112

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 112

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 113

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 113

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 114

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 114

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 115

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 115

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtcattt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
gcaaagaaga gaccggtaga gccgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600
tctggtacag tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660
ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

attaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtg aaactgcagg tagtaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctgc ggttcaagct cttcaacatc 960
caggtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gttacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020
acgattcagg tattctcgga ctcggaatac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca atggcagtca gtctgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200
ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacagctt cgaggacgtg 1260
cctttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320
gaccagtact tgtactacct ggccagaaca cagagtaacc caggaggcac agctggcaat 1380
cgggaactgc agttttacca gggcgggcct tcaactatgg ccgaacaagc caagaattgg 1440
ttacctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaaa cgctggatca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcgttggtt 1560

aatcccggcg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620
ggagtcctga tttttggaaa aactggagca actaacaaaa ctacattgga aaatgtgtta 1680
atgacaaatg aagaagaaat tcgtcctact aatcctgtag ccacggaaga atacgggata 1740
gtcagcagca acttacaagc ggctaatact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800
ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860
gccaagattc ctcacacgga tggcaacttt cacccgtctc ctttgatggg cggctttgga 1920
cttaaacatc cgcctcctca gatcctgatc aagaacactc ccgttcccgc taatcctccg 1980

gaggtgttta ctcctgccaa gtttgcttcg ttcatcacac agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatt 2100

cagtacacct ccaactttga aaagcagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc tattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 116

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 116

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 117
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 7
<400> 117

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Ala Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 118

<211> 623

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 118

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu

50 55 60

Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Val Leu Val Glu
85 90 95
Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
100 105 110
Arg Glu Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Thr Leu

115 120 125
Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Glu Tyr Ile
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His

180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270
Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ser
275 280 285
Leu Pro Ala Asp Ile Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Leu
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320
Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val

465 470 475 480

Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Ser Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Pro Asp Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val

500 505 510

Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala

515 520 525

Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Ile Gln Met

530 535 540

Leu Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile

545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Val Arg Asp Cys Leu Glu Cys Phe Pro Gly Val

565 570 575

Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Lys Thr Tyr Arg Lys Leu Cys
580 585 590

Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala
595 600 605

Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 119

<211> 4721

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 119

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctcg ctcggtgggg cctgcggacc aaaggtccgc 60

agacggcaga gctctgctct gccggcccca ccgagcgagc gagcgcgcat agagggagtg 120

gccaactcca tcactagggg taccgcgaag cgcctcccac gctgccgcgt cagcgctgac 180

gtaaatcacg tcatagggga gtggtcctgt attagctgtc acgtgagtgc ttttgcgaca 240

ttttgcgaca ccacgtggcc atttgaggta tatatggccg agtgagcgag caggatctcc 300

attttgaccg cgaaatttga acgagcagca gccatgccgg gtttctacga gatcgtgatc 360

aaggtgccga gcgacctgga cgagcacctg ccgggcattt ctgactcgtt tgtgaactgg 420

gtggccgaga aggaatggga gctgcccccg gattctgaca tggatctgaa tctgatcgag 480

caggcacccc tgaccgtggc cgagaagctg cagcgcgact tcctggtcca atggcgccgc 540

gtgagtaagg ccccggaggc cctgttcttt gttcagttcg agaagggcga gagctacttc 600

caccttcacg ttctggtgga gaccacgggg gtcaagtcca tggtgctagg ccgcttcctg 660

agtcagattc gggagaagct ggtccagacc atctaccgcg gggtcgagcc cacgctgccc 720

aactggttcg cggtgaccaa gacgcgtaat ggcgccggcg gggggaacaa ggtggtggac 780

gagtgctaca tccccaacta cctcctgccc aagacccagc ccgagctgca gtgggcgtgg 840

actaacatgg aggagtatat aagcgcgtgt ttgaacctgg ccgaacgcaa acggctcgtg 900

gcgcagcacc tgacccacgt cagccagacg caggagcaga acaaggagaa tctgaacccc 960

aattctgacg cgcccgtgat caggtcaaaa acctccgcgc gctacatgga gctggtcggg 1020

tggctggtgg accggggcat cacctccgag aagcagtgga tccaggagga ccaggcctcg 1080

tacatctcct tcaacgccgc ctccaactcg cggtcccaga tcaaggccgc gctggacaat 1140

gccggcaaga tcatggcgct gaccaaatcc gcgcccgact acctggtggg gccctcgctg 1200

cccgcggaca ttaaaaccaa ccgcatctac cgcatcctgg agctgaacgg gtacgatcct 1260

gcctacgccg gctccgtctt tctcggctgg gcccagaaaa agttcgggaa gcgcaacacc 1320
atctggctgt ttgggcccgc caccaccggc aagaccaaca ttgcggaagc catcgcccac 1380
gccgtgccct tctacggctg cgtcaactgg accaatgaga actttccctt caacgattgc 1440
gtcgacaaga tggtgatctg gtgggaggag ggcaagatga cggccaaggt cgtggagtcc 1500
gccaaggcca ttctcggcgg cagcaaggtg cgcgtggacc aaaagtgcaa gtcgtccgcc 1560
cagatcgacc ccacccccgt gatcgtcacc tccaacacca acatgtgcgc cgtgattgac 1620
gggaacagca ccaccttcga gcaccagcag ccgttgcagg accggatgtt caaatttgaa 1680

ctcacccgcc gtctggagca cgactttggc aaggtgacga agcaggaagt caaagagttc 1740
ttccgctggg ccagtgatca cgtgaccgag gtggcgcatg agttctacgt cagaaagggc 1800
ggagccagca aaagacccgc ccccgatgac gcggatataa gcgagcccaa gcgggcctgc 1860
ccctcagtcg cggatccatc gacgtcagac gcggaaggag ctccggtgga ctttgccgac 1920
aggtaccaaa acaaatgttc tcgtcacgcg ggcatgattc agatgctgtt tccctgcaaa 1980
acgtgcgaga gaatgaatca gaatttcaac atttgcttca cacacggggt cagagactgt 2040
ttagagtgtt tccccggcgt gtcagaatct caaccggtcg tcagaaaaaa gacgtatcgg 2100

aaactctgcg cgattcatca tctgctgggg cgggcgcccg agattgcttg ctcggcctgc 2160
gacctggtca acgtggacct ggacgactgc gtttctgagc aataaatgac ttaaaccagg 2220
tatggctgcc gatggttatc ttccagattg gctcgaggac aacctctctg agggcattcg 2280
cgagtggtgg gacctgaaac ctggagcccc gaaacccaaa gccaaccagc aaaagcagga 2340
caacggccgg ggtctggtgc ttcctggcta caagtacctc ggacccttca acggactcga 2400
caaggggggag cccgtcaacg cggcggacgc agcggccctc gagcacgaca aggcctacga 2460
ccagcagctc aaagcgggtg acaatccgta cctgcggtat aaccacgccg acgccgagtt 2520

tcaggagcgt ctgcaagaag atacgtcatt tgggggcaac ctcgggcgag cagtcttcca 2580
ggccaagaag cgggttctcg aacctctcgg tctggttgag gaaggcgcta agacggctcc 2640
tgcaaagaag agaccggtag agccgtcacc tcagcgttcc cccgactcct ccacgggcat 2700
cggcaagaaa ggccagcagc ccgccagaaa gagactcaat ttcggtcaga ctggcgactc 2760
agagtcagtc cccgaccctc aacctctcgg agaacctcca gcagcgccct ctagtgtggg 2820
atctggtaca gtggctgcag gcggtggcgc accaatggca gacaataacg aaggtgccga 2880
cggagtgggt aatgcctcag gaaattggca ttgcgattcc acatggctgg gcgacagagt 2940

cattaccacc agcacccgaa cctgggccct gcccacctac aacaaccacc tctacaagca 3000

aatctccagt gaaactgcag gtagtaccaa cgacaacacc tacttcggct acagcacccc 3060

ctgggggtat tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg 3120

actcatcaac aacaactggg gattccggcc caagaagctg cggttcaagc tcttcaacat 3180

ccaggtcaag gaggtcacga cgaatgacgg cgttacgacc atcgctaata accttaccag 3240

cacgattcag gtattctcgg actcggaata ccagctgccg tacgtcctcg gctctgcgca 3300

ccagggctgc ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acggctacct 3360

gactctcaac aatggcagtc agtctgtggg acgttcctcc ttctactgcc tggagtactt 3420

cccctctcag atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctacagct tcgaggacgt 3480

gcctttccac agcagctacg cacacagcca gagcctggac cggctgatga atcccctcat 3540

cgaccagtac ttgtactacc tggccagaac acagagtaac ccaggaggca cagctggcaa 3600

tcgggaactg cagttttacc agggcgggcc ttcaactatg gccgaacaag ccaagaattg 3660

gttacctgga ccttgcttcc ggcaacaaag agtctccaaa acgctggatc aaaacaacaa 3720

cagcaacttt gcttggactg gtgccaccaa atatcacctg aacggcagaa actcgttggt 3780

taatcccggc gtcgccatgg caactcacaa ggacgacgag gaccgctttt tcccatccag 3840

cggagtcctg atttttggaa aaactggagc aactaacaaa actacattgg aaaatgtgtt 3900

aatgacaaat gaagaagaaa ttcgtcctac taatcctgta gccacggaag aatacgggat 3960

agtcagcagc aacttacaag cggctaatac tgcagcccag acacaagttg tcaacaacca 4020

gggagcctta cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcccatctg 4080

ggccaagatt cctcacacgg atggcaactt tcacccgtct cctttgatgg gcggctttgg 4140

acttaaacat ccgcctcctc agatcctgat caagaacact cccgttcccg ctaatcctcc 4200

ggaggtgttt actcctgcca agtttgcttc gttcatcaca cagtacagca ccggacaagt 4260

cagcgtggaa atcgagtggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga acccggagat 4320

tcagtacacc tccaactttg aaaagcagac tggtgtggac tttgccgttg acagccaggg 4380

tgtttactct gagcctcgcc ctattggcac tcgttacctc acccgtaatc tgtaattgca 4440

tgttaatcaa taaaccggtt gattcgtttc agttgaactt tggtctcctg tgcttcttat 4500

cttatcggtt tccatagcaa ctggttacac attaactgct tgggtgcgct tcacgataag 4560

aacactgacg tcaccgcggt acccctagtg atggagttgg ccactccctc tatgcgcgct 4620

cgctcgctcg gtggggcctg cggaccaaag gtccgcagac ggcagagctc tgctctgccg 4680

gccccaccga gcgagcgagc gcgcatagag ggagtggcca a 4721

<210> 120

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 120

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtcattt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

gcaaagaaga gaccggtaga gccgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacag tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

attaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg aaactgcagg tagtaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctgc ggttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gttacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acgattcagg tattctcgga ctcggaatac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca atggcagtca gtctgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200

ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacagctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtact tgtactacct ggccagaaca cagagtaacc caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca gggcgggcct tcaactatgg ccgaacaagc caagaattgg 1440

ttacctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaaa cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcgttggtt 1560

aatcccggcg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca actaacaaaa ctacattgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaagaaat tcgtcctact aatcctgtag ccacggaaga atacgggata 1740

gtcagcagca acttacaagc ggctaatact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga tggcaacttt cacccgtctc ctttgatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatcctgatc aagaacactc ccgttcccgc taatcctccg 1980

gaggtgttta ctcctgccaa gtttgcttcg ttcatcacac agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatt 2100

cagtacacct ccaactttga aaagcagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc tattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 121

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 121

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Ala Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 122

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 122

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 123

<211> 2213

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 123

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt aatacagaag 2160

gcgtgtactc tgaaccccgc cccattggca cccgttacct cacccgtaat ctg 2213

<210> 124

<211> 4393

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 124

cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtagcgcg aagcgcctcc cacgctgccg 60

cgtcagcgct gacgtaaatt acgtcatagg ggagtggtcc tgtattagct gtcacgtgag 120

tgcttttgcg gcattttgcg acaccacgtg gccatttgag gtatatatgg ccgagtgagc 180

gagcaggatc tccattttga ccgcgaaatt tgaacgagca gcagccatgc cgggcttcta 240

cgagatcgtg atcaaggtgc cgagcgacct ggacgagcac ctgccgggca tttctgactc 300

gtttgtgaac tgggtggccg agaaggaatg ggagctgccc ccggattctg acatggatcg 360

gaatctgatc gagcaggcac ccctgaccgt ggccgagaag ctgcagcgcg acttcctggt 420

ccaatggcgc cgcgtgagta aggccccgga ggccctcttc tttgttcagt tcgagaaggg 480

cgagagctac tttcacctgc acgttctggt cgagaccacg ggggtcaagt ccatggtgct 540

aggccgcttc ctgagtcaga ttcgggaaaa gcttggtcca gaccatctac ccgcggggtc 600

gagccccacc ttgcccaact ggttcgcggt gaccaaagac gcggtaatgg cgccggcggg 660

ggggaacaag gtggtggacg agtgctacat ccccaactac ctcctgccca agactcagcc 720

cgagctgcag tgggcgtgga ctaacatgga ggagtatata agcgcgtgct tgaacctggc 780

cgagcgcaaa cggctcgtgg cgcagcacct gacccacgtc agccagacgc aggagcagaa 840

caaggagaat ctgaacccca attctgacgc gcccgtgatc aggtcaaaaa cctccgcgcg 900

ctatatggag ctggtcgggt ggctggtgga ccggggcatc acctccgaga agcagtggat 960

ccaggaggac caggcctcgt acatctcctt caacgccgcc tccaactcgc ggtcccagat 1020

caaggccgcg ctggacaatg ccggcaagat catggcgctg accaaatccg cgcccgacta 1080

cctggtgggg ccctcgctgc ccgcggacat tacccagaac cgcatctacc gcatcctcgc 1140

tctcaacggc tacgaccctg cctacgccgg ctccgtcttt ctcggctggg ctcagaaaaa 1200

gttcgggaaa cgcaacacca tctggctgtt tggacccgcc accaccggca agaccaacat 1260

tgcggaagcc atcgcccacg ccgtgccctt ctacggctgc gtcaactgga ccaatgagaa 1320

ctttcccttc aatgattgcg tcgacaagat ggtgatctgg tgggaggagg gcaagatgac 1380

ggccaaggtc gtggagtccg ccaaggccat tctcggcggc agcaaggtgc gcgtggacca 1440

aaagtgcaag tcgtccgccc agatcgaccc caccccgtg atcgtcacct ccaacaccaa 1500

catgtgcgcc gtgattgacg ggaacagcac caccttcgag caccagcagc ctctccagga 1560

ccggatgttt aagttcgaac tcacccgccg tctggagcac gactttggca aggtgacaaa 1620

gcaggaagtc aaagagttct tccgctgggc cagtgatcac gtgaccgagg tggcgcatga 1680

gttttacgtc agaaagggcg gagccagcaa aagacccgcc cccgatgacg cggataaaag 1740

cgagcccaag cgggcctgcc cctcagtcgc ggatccatcg acgtcagacg cggaaggagc 1800

tccggtggac tttgccgaca ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgcgg gcatgcttca 1860

gatgctgttt ccctgcaaaa cgtgcgagag aatgaatcag aatttcaaca tttgcttcac 1920

acacggggtc agagactgct cagagtgttt ccccggcgtg tcagaatctc aaccggtcgt 1980

cagaaagagg acgtatcgga aactctgtgc gattcatcat ctgctggggc gggctcccga 2040

gattgcttgc tcggcctgcg atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca 2100

ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca 2160

acctctctga gggcattcgc gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag 2220

ccaaccagca aaagcaggac gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg 2280

gacccttcaa cggactcgac aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg 2340

agcacgacaa ggcctacgac cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata 2400

accacgccga cgccgagttt caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc 2460

tcgggcgagc agtcttccag gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg 2520

aaggcgctaa gacggctcct ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc 2580

cagactcctc tacgggcatc ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt 2640
ttggtcagac tggcgactca gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag 2700
cagcgccctc tggtgtggga cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag 2760
acaataacga aggcgccgac ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca 2820
catggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca 2880
acaaccacct ctacaagcaa atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca 2940
cctacttcgg ctacagcacc ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact 3000

tttcaccacg tgactggcag cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac 3060
tcagcttcaa gctcttcaac atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga 3120
ccatcgccaa taacctcacc agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc 3180
cgtacgttct cggctctgcc caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca 3240
tgattcccca gtacggctac ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct 3300
ccttctactg cctggaatac tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt 3360
ttacttacac cttcgaggac gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg 3420

accggctgat gaatcctctg attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa 3480
caggaggcac ggcaaatacg cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg 3540
ccaatcaggc aaagaactgg ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga 3600
caaccgggca aaacaacaat agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga 3660
atggaagaaa ttcattggct aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg 3720
agcgtttttt tcccagtaac gggatcctga ttttttggcaa acaaaatgct gccagagaca 3780
atgcggatta cagcgatgtc atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg 3840

tggctacaga ggaatacggt atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc 3900
aaattggaac tgtcaacagc caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg 3960
tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt 4020
ctccgctgat gggcggcttt ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca 4080
cgcctgtacc tgcggatcct ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca 4140
cgcaatacag caccggacag gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca 4200
gcaagcgctg gaaccccgag atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg 4260

actttgctgt taatacagaa ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc 4320

tcacccgtaa tctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttgattcgtt tcagttgaac 4380

tttggtctct gcg 4393

<210> 125

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 125

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 126
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 8
<400> 126
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445
Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
450 455 460
Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Ile Gln Lys

705 710 715 720

Ala Cys Thr Leu Asn Pro Ala Pro Leu Ala Pro Val Thr Ser Pro Val

725 730 735

Ile

<210> 127

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 127

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 128

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 128

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgcc tgagcggacg gcgatgagtc ttccgggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 129

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 129

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
450 455 460
Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Pro Glu Arg Thr Ala Met
580 585 590
Ser Leu Pro Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 130
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"
<400> 130
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600
cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020
agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140
ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200
tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320
attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380
cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440
ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500
agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560
aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620
gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740
atcgtggcag ataacttgag ttttagtcgt gcggttcttt gtgatggaac tgtcaacagc 1800
caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920
ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980
ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 131

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 131

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr

405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Ser Phe Ser Arg Ala Val

580 585 590

Leu Cys Asp Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 132

<211> 4385

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 132

cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtaatcgc gaagcgcctc ccacgctgcc 60

gcgtcagcgc tgacgtagat tacgtcatag gggagtggtc ctgtattagc tgtcacgtga 120

gtgcttttgc gacattttgc gacaccacat ggccatttga ggtatatatg gccgagtgag 180

cgagcaggat ctccattttg accgcgaaat ttgaacgagc agcagccatg ccgggcttct 240

acgagattgt gatcaaggtg ccgagcgacc tggacgagca cctgccgggc atttctgact 300

ctttgtgaa ctgggtggcc gagaaggaat gggagctgcc cccggattct gacatggatc 360

ggaatctgat cgagcaggca cccctgaccg tggccgagaa gctgcagcgc gacttcctgg 420

tccaatggcg ccgcgtgagt aaggccccgg aggccctctt ctttgttcag ttcgagaagg 480

gcgagagcta ctttcacctg cacgttctgg tcgagaccac gggggtcaag tccatggtgc 540

taggccgctt cctgagtcag attcgggaga agctggtcca gaccatctac cgcgggatcg 600

agccgaccct gcccaactgg ttcgcggtga ccaagacgcg taatggcgcc ggcgggggga 660

acaaggtggt ggacgagtgc tacatcccca actacctcct gcccaagact cagcccgagc 720

tgcagtgggc gtggactaac atggaggagt atataagcgc gtgcttgaac ctggccgagc 780

gcaaacggct cgtggcgcag cacctgaccc acgtcagcca gacgcaggag cagaacaagg 840

agaatctgaa ccccaattct gacgcgcccg tgatcaggtc aaaaacctcc gcgcgctaca 900

tggagctggt cgggtggctg gtggaccggg gcatcacctc cgagaagcag tggatccagg 960

aggaccaggc ctcgtacatc tccttcaacg ccgcctccaa ctcgcggtcc cagatcaagg 1020

ccgcgctgga caatgccggc aagatcatgg cgctgaccaa atccgcgccc gactacctgg 1080

taggcccttc acttccggtg gacattacgc agaaccgcat ctaccgcatc ctgcagctca 1140

acggctacga ccctgcctac gccggctccg tctttctcgg ctgggcacaa aagaagttcg 1200

ggaaacgcaa caccatctgg ctgtttgggc cggccaccac gggaaagacc aacatcgcag 1260

aagccattgc ccacgccgtg cccttctacg gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 1320

ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga tctggtggga ggagggcaag atgacggcca 1380

aggtcgtgga gtccgccaag gccattctcg gcggcagcaa ggtgcgcgtg gaccaaaagt 1440

gcaagtcgtc cgcccagatc gaccccactc ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt 1500

gcgccgtgat tgacgggaac agcaccacct tcgagcacca gcagcctctc caggaccgga 1560

tgtttaagtt cgaactcacc cgccgtctgg agcacgactt tggcaaggtg acaaagcagg 1620

aagtcaaaga gttcttccgc tgggccagtg atcacgtgac cgaggtggcg catgagtttt 1680

acgtcagaaa gggcggagcc agcaaaagac ccgcccccga tgacgcggat aaaagcgagc 1740

ccaagcgggc ctgcccctca gtcgcggatc catcgacgtc agacgcggaa ggagctccgg 1800

tggactttgc cgacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgcgggcatg cttcagatgc 1860

tgcttccctg caaaacgtgc gagagaatga atcagaattt caacatttgc ttcacacacg 1920

gggtcagaga ctgctcagag tgtttccccg gcgtgtcaga atctcaaccg gtcgtcagaa 1980

agaggacgta tcggaaactc tgtgcgattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg 2040

cttgctcggc ctgcgatctg gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa 2100

tgacttaaac caggtatggc tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc 2160

tctgagggca ttcgcgagtg gtgggcgctg aaacctggag ccccgaagcc caaagccaac 2220

cagcaaaagc aggacgacgg ccggggtctg gtgcttcctg gctacaagta cctcggaccc 2280

ttcaacggac tcgacaaggg ggagcccgtc aacgcggcgg acgcagcggc cctcgagcac 2340

ggcaaggcct acgaccagca gctgcaggcg ggtgacaatc cgtacctgcg gtataaccac 2400

gccgacgccg agtttcagga gcgtctgcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg 2460

cgagcagtct tccaggccaa gaagcgggtt ctcgaacctc tcggtctggt tgaggaaggc 2520

gctaagacgg ctcctggaaa gaagagaccg gtagagccat caccccagcg ttctccagac 2580

tcctctacgg gcatcggcaa gaaaggccaa cagcccgcca gaaaaagact caattttggt 2640

cagactggcg actcagagtc agttccagac cctcaacctc tcggagaacc tccagcagcg 2700

ccctctggtg tgggacctaa tacaatggct gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat 2760

aacgaaggcg ccgacggagt gggtaattcc tcgggaaatt ggcattgcga ttccacatgg 2820

ctgggggaca gagtcatcac caccagcacc cgaacctggg cattgcccac ctacaacaac 2880
cacctctaca agcaaatctc caatggaaca tcgggaggaa gcaccaacga caacacctac 2940
tttggctaca gcacccccctg ggggtatttt gacttcaaca gattccactg ccacttctca 3000
ccacgtgact ggcagcgact catcaacaac aactggggat tccggccaaa gagactcaac 3060
ttcaagctgt tcaacatcca ggtcaaggag gttacgacga acgaaggcac caagaccatc 3120
gccaataacc ttaccagcac cgtccaggtc tttacggact cggagtacca gctaccgtac 3180
gtcctaggct ctgcccacca aggatgcctg ccaccgtttc ctgcagacgt cttcatggtt 3240

cctcagtacg gctacctgac gctcaacaat ggaagtcaag cgttaggacg ttcttctttc 3300
tactgtctgg aatacttccc ttctcagatg ctgagaaccg gcaacaactt tcagttcagc 3360
tacactttcg aggacgtgcc tttccacagc agctacgcac acagccagag tctagatcga 3420
ctgatgaacc ccctcatcga ccagtaccta tactacctgg tcagaacaca gacaactgga 3480
actgggggaa ctcaaacttt ggcattcagc caagcaggcc ctagctcaat ggccaatcag 3540
gctagaaact gggtacccgg gccttgctac cgtcagcagc gcgtctccac aaccaccaac 3600
caaaataaca acagcaactt tgcgtggacg ggagctgcta aattcaagct gaacgggaga 3660

gactcgctaa tgaatcctgg cgtggctatg gcatcgcaca aagacgacga ggaccgcttc 3720
tttccatcaa gtggcgttct catatttggc aagcaaggag ccgggaacga tggagtcgac 3780
tacagccagg tgctgattac agatgaggaa gaaattaaag ccaccaaccc tgtagccaca 3840
gaggaatacg gagcagtggc catcaacaac caggccgcta acacgcaggc gcaaactgga 3900
cttgtgcata accagggagt tattcctggt atggtctggc agaaccggga cgtgtacctg 3960
cagggcccta tttgggctaa aatacctcac acagatggca actttcaccc gtctcctctg 4020
atgggtggat ttggactgaa acacccacct ccacagattc taattaaaaa tacaccagtg 4080

ccggcagatc ctcctcttac cttcaatcaa gccaagctga actctttcat cacgcagtac 4140
agcacgggac aagtcagcgt ggaaatcgag tgggagctgc agaaagaaaa cagcaagcgc 4200
tggaatccag agatccagta tacttcaaac tactacaaat ctacaaatgt ggactttgct 4260
gtcaatacca aaggtgttta ctctgagcct cgccccattg gtactcgtta cctcacccgt 4320
aatttgtaat tgcctgttaa tcaataaacc ggttaattcg tttcagttga actttggtct 4380
ctgcg 4385

<210> 133

<211> 4382

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 133

cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtaatcgc gaagcgcctc ccacgctgcc 60

gcgtcagcgc tgacgtagat tacgtcatag gggagtggtc ctgtattagc tgtcacgtga 120

gtgcttttgc gacattttgc gacaccacat ggccatttga ggtatatatg gccgagtgag 180

cgagcaggat ctccattttg accgcgaaat ttgaacgagc agcagccatg ccgggcttct 240

acgagattgt gatcaaggtg ccgagcgacc tggacgagca cctgccgggc atttctgact 300

cttttgtgaa ctgggtggcc gagaaggaat gggagctgcc cccggattct gacatggatc 360

ggaatctgat cgagcaggca cccctgaccg tggccgagaa gctgtagcgc gacttcctgg 420

tccaatggcg ccgcgtgagt aaggccccgg aggccctctt ctttgttcag ttcgagaagg 480

gcgagagcta ctttcacctg cacgttctgg tcgagaccac gggggtcaag tccatggtgc 540

taggccgctt cctgagtcag attcgggaga agctggtcca gaccatctac cgcgggatcg 600

agccgaccct gcccaactgg ttcgcggtga ccaagacgcg taatggcgcc ggcgggggga 660

acaaggtggt ggacgagtgc tacatcccca actacctcct gcccaagact cagcccgagc 720

tgcagtgggc gtggactaac atggaggagt atataagcgc gtgcttgaac ctggccgagc 780

gcaaacggct cgtggcgcag cacctgaccc acgtcagcca gacgcaggag cagaacaagg 840

agaatctgaa ccccaattct gacgcgcccg tgatcaggtc aaaaacctcc gcgcgctaca 900

tggagctggt cgggtggctg gtggaccggg gcatcacctc cgagaagcag tggatccagg 960

aggaccaggc ctcgtacatc tccttcaacg ccgcctccaa ctcgcggtcc cagatcaagg 1020

ccgcgctgga caatgccggc aagatcatgg cgctgaccaa atccgcgccc gactacctgg 1080

taggcccttc acttccggtg gacattacgc agaaccgcat ctaccgcatc ctgcagctca 1140

acggctacga ccctgcctac gccggctccg tctttctcgg ctgggcacaa aagaagttcg 1200

ggaaacgcaa caccatctgg ctgtttgggc cggccaccac gggaaagacc aacatcgcag 1260

aagccattgc ccacgccgtg cccttctacg gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 1320

ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga tctggtggga ggagggcaag atgacggcca 1380

aggtcgtgga gtccgccaag gccattctcg gcggcagcaa ggtgcgcgtg gaccaaaagt 1440

gcaagtcgtc cgcccagatc gaccccactc ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt 1500

gcgccgtgat tgacgggaac agcaccacct tcgagcacca gcagcctctc caggaccgga 1560

tgtttaagtt cgaactcacc cgccgtctgg agcacgactt tggcaaggtg acaaagcagg 1620

aagtcaaaga gttcttccgc tgggccagtg atcacgtgac cgaggtggcg catgagtttt 1680

acgtcagaaa gggcggagcc agcaaaagac ccgcccccga tgacgcggat aaaagcgagc 1740
ccaagcgggc ctgcccctca gtcgcggatc catcgacgtc agacgcggaa ggagctccgg 1800
tggactttgc cgacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgcgggcatg cttcagatgc 1860
tgcttccctg caaaacgtgc gagagaatga atcagaattt caacatttgc ttcacacacg 1920
gggtcagaga ctgctcagag tgtttccccg gcgtgtcaga atctcaaccg gtcgtcagaa 1980
agaggacgta tcggaaactc tgtgcgattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg 2040
cttgctcggc ctgcgatctg gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa 2100

tgacttaaac caggtatggc tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc 2160
tctgagggca ttcgcgagtg gtgggacctg aaacctggag ccccgaaacc caaagccaac 2220
cagcaaaagc aggacgacgg ccggggtctg gtgcttcctg gctacaagta cctcggaccc 2280
ttcaacggac tcgacaaggg ggagcccgtc aacgcggcgg acgcagcggc cctcgagcac 2340
gacaaggcct acgaccagca gctcaaagcg ggtgacaatc cgtacctgcg gtataaccac 2400
gccgacgccg agtttcagga gcgtctgcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg 2460
cgagcagtct tccaggccaa gaagcgggtt ctcgaacctc tcggtctggt tgaggaaggc 2520

gctaagacgg ctcctggaaa gaagagaccg gtagagcagt caccccaaga accagactca 2580
tcctcgggca tcggcaaatc aggccagcag cccgctaaaa agagactcaa ttttggtcag 2640
actggcgact cagagtcagt ccccgaccca caacctctcg gagaacctcc agaagccccc 2700
tcaggtctgg gacctaatac aatggcttca ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac 2760
gaaggcgccg acggagtggg taattcctcg ggaaattggc attgcgattc cacatggctg 2820
ggggacagag tcatcaccac cagcacccga acctgggcat tgcccaccta caacaaccac 2880
ctctacaagc aaatctccaa tggaacatcg ggaggaagca ccaacgacaa cacctacttt 2940

ggctacagca ccccctgggg gtattttgac ttcaacagat tccactgcca cttctcacca 3000
cgtgactggc agcgactcat caacaacaac tggggattcc ggccaaagag actcaacttc 3060
aagctgttca acatccaggt caaggaggtt acgacgaacg aaggcaccaa gaccatcgcc 3120
aataacctta ccagcaccgt ccaggtcttt acggactcgg agtaccagct accgtacgtc 3180
ctaggctctg cccaccaagg atgcctgcca ccgtttcctg cagacgtctt catggttcct 3240
cagtacggct acctgacgct caacaatgga agtcaagcgt taggacgttc ttctttctac 3300
tgtctggaat acttcccttc tcagatgctg agaaccggca acaactttca gttcagctac 3360

actttcgagg acgtgccttt ccacagcagc tacgcacaca gccagagtct agatcgactg 3420

atgaaccccc tcatcgacca gtacctatac tacctggtca gaacacagac aactggaact 3480

gggggaactc aaactttggc attcagccaa gcaggcccta gctcaatggc caatcaggct 3540

agaaactggg tacccgggcc ttgctaccgt cagcagcgcg tctccacaac caccaaccaa 3600

aataacaaca gcaactttgc gtggacggga gctgctaaat tcaagctgaa cgggagagac 3660

tcgctaatga atcctggcgt ggctatggca tcgcacaaag acgacgagga ccgcttcttt 3720

ccatcaagtg gcgttctcat atttggcaag caaggagccg ggaacgatgg agtcgactac 3780

agccaggtgc tgattacaga tgaggaagaa attaaagcca ccaaccctgt agccacagag 3840

gaatacggag cagtggccat caacaaccag gccgctaaca cgcaggcgca aactggactt 3900

gtgcataacc agggagttat tcctggtatg gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag 3960

ggccctattt gggctaaaat acctcacaca gatggcaact ttcacccgtc tcctctgatg 4020

ggtggatttg gactgaaaca cccacctcca cagattctaa ttaaaaatac accagtgccg 4080

gcagatcctc ctcttacctt caatcaagcc aagctgaact ctttcatcac gcagtacagc 4140

acgggacaag tcagcgtgga aatcgagtgg gagctgcaga aagaaaacag caagcgctgg 4200

aatccagaga tccagtatac ttcaaactac tacaaatcta caaatgtgga ctttgctgtc 4260

aataccgaag gtgtttactc tgagcctcgc cccattggta ctcgttacct cacccgtaat 4320

ttgtaattgc ctgttaatca ataaaccggt taattcgttt cagttgaact ttggtctctg 4380

cg 4382

<210> 134

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 134

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 135

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 135

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Glu Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 136

<211> 623

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 136

Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Arg Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu

50 55 60

Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Val Leu Val Glu

85 90 95

Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile

100 105 110

Arg Glu Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Ile Glu Pro Thr Leu

115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly

130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys

145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Glu Tyr Ile

165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His

180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn

195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr

210 215 220

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270
Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ser
275 280 285
Leu Pro Val Asp Ile Thr Gln Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Gln Leu
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480
Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Ser Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Pro Asp Asp Ala Asp Lys Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val

500 505 510

Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala
515 520 525

Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Leu Gln Met
530 535 540

Leu Leu Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile
545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Val Arg Asp Cys Ser Glu Cys Phe Pro Gly Val
565 570 575

Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Arg Lys Leu Cys
580 585 590

Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala
595 600 605

Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 137

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 137

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 138

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 138

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 139

<211> 2460

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 139

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgaccg agtcattacc 60

accagcaccc ggacttgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc 120

agccaatcgg gtgccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ttgggggtat 180

tttgatttca acagattcca ctgccatttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240

aacaactggg gattcatggc tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacactctc 300

tctgaaggaa tcagacagtg gtggaagctc aaacctggcc caccaccgcc gaaacctaac 360

caacaacacc gggacgacag taggggtctt gtgcttcctg ggtacaagta cctcggaccc 420

ttcaacggac tcgacaaagg agagccggtc aacgaggcag acgccgcggc cctcgagcac 480

gacaaagcct acgaccacca gctcaagcaa ggggacaacc cgtacctcaa atacaaccac 540

gcggacgctg aatttcagga gcgtcttcaa gaagatacgt ctttcggggg caacctcggg 600

cgagcagtct tccaggccaa aaagagggta ctcgagcctc ttggtctggt tgaggaagct 660

gttaagacgg ctcctggaaa aaagagacct atagagcagt ctcctgcaga accggactct 720

tcctcgggca tcggcaaatc aggccagcag cccgctaaga aaagactcaa ttttggtcag 780

actggcgaca cagagtcagt cccagaccct caaccaatcg gagaaccccc cgcagccccc 840

tctggtgtgg gatctaatac aatggcttca ggcggtgggg caccaatggc agacaataac 900

gaaggcgccg acggagtggg taattcctcg ggaaattggc attgcgattc cacatggatg 960

ggcgacagag ttatcaccac cagcacaaga acctgggccc tccccaccta caataatcac 1020

ctctacaagc aaatctccag cgaatcggga gccaccaacg acaaccacta cttcggctac 1080

agcaccccct gggggtattt tgactttaac agattccact gtcacttctc accacgtgac 1140

tggcagcgac tcatcaacaa caactgggga tttagaccca agaaactcaa tttcaagctc 1200

ttcaacatcc aagtcaagga ggtcacgcag aatgatggaa ccacgaccat cgccaataac 1260

cttaccagca cggtgcaggt cttcacagac tctgagtacc agctgcccta cgtcctcggt 1320

tcggctcacc agggctgcct tccgccgttc ccagcagacg tcttcatgat tcctcagtac 1380

ggctacttga ctctgaacaa tggcagccaa gcggtaggac gttcttcatt ctactgtcta 1440

gagtattttc cctctcagat gctgaggacg ggaaacaact tcaccttcag ctacactttt 1500

gaagacgtgc ctttccacag cagctacgcg cacagccaga gtctggatcg gctgatgaat 1560

cctctcattg accagtacct gtattacctg agcaaaactc agggtacaag tggaacaacg 1620

cagcaatcga gactgcagtt cagccaagct gggcctagct ccatggctca gcaggccaaa 1680

aactggctac cgggacccag ctaccgacag cagcgaatgt ctaagacggc taatgacaac 1740

aacaacagtg aatttgcttg gactgcagcc accaaatatt acctgaatgg aagaaattct 1800

ctggtcaatc ccgggccccc aatggccagt cacaaggacg atgaggaaaa gtatttcccc 1860

atgcacggaa atctcatctt tggaaaacaa ggcacaggaa ctaccaatgt ggacattgaa 1920

tcagtgctta ttacagacga agaagaaatc agaacaacta atcctgtggc tacagaacaa 1980

tacggacagg ttgccaccaa ccatcagagt cagaacacca cagcttccta tggaagtgtg 2040

gacagccagg gaatcttacc tggaatggtg tggcaggacc gcgatgtcta tcttcaaggt 2100

cccatttggg ccaaaactcc tcacacggac ggacactttc atccttctcc gctcatggga 2160

ggctttggac tgaaacaccc tcctccccag atcctgatca aaaacacacc tgtgccagcg 2220

aatcccgcga ccactttcac tcctggaaag tttgcttcgt tcattaccca gtattccacc 2280

ggacaggtca gcgtggaaat agagtgggag ctgcagaaag aaaacagcaa acgctggaac 2340

ccagaaattc agtacacctc caactacaac aagtcggtga atgtggagtt taccgtggac 2400

gcaaacggtg tttattctga accccgccct attggcactc gttaccttac ccggaacttg 2460

<210> 140

<211> 3123

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 140

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120

ctgccaaagc cattctgggt ggaggcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180

cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300

aacttacccg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360

ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420

gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggcgc 480

gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcggaca 540

ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600

aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660

tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgtttctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720

aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagtaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780

tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840

gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900

tggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960

agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020

ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080

cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggacgc tgaatttcag 1140

gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200

aaaaagaggg tactcgagcc tcttggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260

aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcaaa 1320

tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380

gtcccaggcc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaat 1440

acaatggctt caggcggtgg ggcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 1500

ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560

accagcacaa gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620

agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740

aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cgcggtgcag 1860

gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggctgc 1920

cttccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980

aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040

atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100

agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160

ctgtattacc tgagcaaaac tcagggtaca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220

ttcagccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280

agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatgaca acaacaacag tgaatttgct 2340

tggactgcag ccaccaaata ttacctgaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400

ccagtggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460

tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgct tattacagac 2520

gaagaagaaa tcagaacaac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580

aaccatcaga gtcagaacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640

cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700

cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccactttc 2820

actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca cctgacaggt cagcgtggaa 2880

atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccagaaat tcagtacacc 2940

tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000

gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060

taagccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttcgtttaaa 3120

cct 3123

<210> 141

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 141

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Gly Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Ala Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Val Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr
580 585 590
Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 142
<211> 3123
<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 142

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120

ctgccaaagc cattctgggt ggaagcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180

cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300

aacttacccg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360

ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420

gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggcgc 480

gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcgggca 540

ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600

aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660

tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgtttctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720

aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagaaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780

tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840

gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900

tggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960

agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020

ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080

cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggacgc tgaatttcag 1140

gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200

aaaaagaggg tactcgagcc tcttggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260

aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcgaa 1320

tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380

gtcccagacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaat 1440

acaatggctt caggcggtgg ggcaccaatg gcagacgata acgaaggcgc cgacggagtg 1500

ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560

accagcacaa gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620

agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740

aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cacggtgcag 1860

gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggctgc 1920

cttccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980

aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040

atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100

agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160

ctgtattacc tgagcaaaac tcagggtaca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220

ttcagccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280

agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatgaca acaacaacag tgaatttgct 2340

tggactgcag ccaccaaata ttacctgaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400

ccaatggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460

tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgct tattacagac 2520

gaagaagaaa tcagaacaac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580

aaccatcaga gtcaggacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640

cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700

cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccactttc 2820

actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca ccggacaggt cagcgtggaa 2880

atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccagaaat tcagtacacc 2940

tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000

gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060

taaaccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttcgcggccg 3120

cta 3123

<210> 143

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 143

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Glu Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asp Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asp Thr Thr Ala Ser Tyr

580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 144

<211> 3113

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 144

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120

ctgccaaagc cattctgggt ggaagcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180

cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300

aacttacccg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360

ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420

gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggcgc 480

gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcggaca 540

ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600

aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660

tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgttcctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720

aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagtaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780

tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840

gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900

tggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960

agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020

ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080

cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggacgc tgaatttcag 1140

gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200

aaaaagaggg tactcgagcc tcttggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260

aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcaaa 1320

tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380

gtcccagacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaat 1440

acaatggctt caggcggtgg ggcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 1500

ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560

accagcacaa gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620

agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaat 1740

aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cacggtgcag 1860

gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggctgc 1920

cttccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980

aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040

atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100

agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160

ctgtattacc tgagcaaaac tcagggtaca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220

ttcaaccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280

agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatgaca acaacaacag tgaatttgct 2340

tggactgcag ccaccaaata ttacccgaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400

ccaatggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460

tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgct tattacagac 2520

gaagaagaaa tcagaacgac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580

aaccgtcaga gtcagaacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640

cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700

cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccactttc 2820

actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca ccggacaggt cagcgtggaa 2880

atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccggaaat tcagtacacc 2940

tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000

gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060

taaaccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttc 3113

<210> 145

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 145

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Asn Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Pro Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn Arg Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr

580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 146

<211> 3122

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 146

agcggccgcg aattcgccct ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgaa aactttccct 60

tcaacgattg cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggaaagatg accgccaagg 120

tcgtggaatc tgccaaagcc attctgggtg gaagcaaggt tcgtgtggac cagaaatgca 180

ggtcttcggc ccagatcgac ccgactccgg tgattgtcac ctctaacacc aacatgtgcg 240

ccgtgattga cggaaactcg accaccttcg agcaccagca gccgttgcaa gaccggatgt 300

tcaaatttga acttacccgc cgtttggatc atgactttgg gaaggtcacc aagcaggaag 360

tcaaagactt tttccggtgg gctcaagatc acgtgactga ggtggagcat gagttctacg 420

tcaaaaaggg tggagccaag aaaaggcccg cccccgatga tgtatatata aatgagccca 480

agcgggcgcg cgagtcagtt gcgcagccat cgacgtcaga cgcggaagct tcgataaact 540

acgcggacag gtaccaaaac aaatgttctc gtcacgtggg catgaatctg atgctgtttc 600

cctgtcgaca atgcgaaaga atgaatcaga attcaaatat ctgcttcaca cacgggcaaa 660

aagactgttt ggaatgcttt cccgtgtcag aatctcaacc cgtttctgtc gtcagaaaaa 720

cgtatcagaa actttgttac attcatcata tcatgggaaa agtaccagac gcctgcactg 780

cctgcgacct ggtaaatgtg gacttggatg actgtatttc tgagcaataa atgacttaaa 840

tcaggtatgg ctgctgacgg ttatcttcca gattggctcg aggacactct ctctgaagga 900

atcagacagt ggtggaagct caaacctggc ccaccaccgc cgaaacctaa ccaacaacac 960

cgggacgaca gtaggggtct tgtgcttcct gggtacaagt acctcggacc cttcaacgga 1020

ctcgacaaag gagagccggt caacgaggca gacgccgcgg ccctcgagca cgacaaagcc 1080

tacgaccacc agctcaagca aggggacaac ccgtacctca aatacaacca cgcggacgct 1140

gaatttcagg agcgtcttca agaagatacg tctttcgggg gcaacctcgg gcgagcagtc 1200

ttccaggcca aaaagagggt actcgagcct cttggtctgg ttgaggaagc tgttaagacg 1260

gctcctggaa aaaagagacc tatagagcag tctcctgcag aaccggactc ttcctcgggc 1320

atcggcaaat caggccagca gcccgctaag aaaagactca attttggtca gactggcgac 1380

acagagtcag tcccagaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcagcccc ctctggtgtg 1440

ggatctaata caatggcttc aggcggtggg gcaccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtaattcctc gggaaattgg cattgcgatt ccacatggat gggcgacaga 1560

gttatcacca ccagcacaag aacctgggcc ctccccacct acaataatcg cctctacaag 1620

caaatctcca gcgaatcggg agccaccaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 1680

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcga 1740

ctcatcaaca acaactgggg atttagaccc aagaaactca atttcaagct cttcaacatc 1800

caagtcaagg aggtcacgca gaatgatgga accacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1860

acggtgcagg tcttcacaga ctctgagtac cagctgccct acgtcctcgg ttcggctcac 1920

cagggctgcc ttccgccgtt cccagcagac gtcttcatga ttcctcagta cggctacttg 1980

actctgaaca atggcagcca agcggtagga cgttcttcat tctactgtct agagtatttt 2040

ccctctcaga tgctgaggac gggaaacaac ttcaccttca gctacacttt tgaagacgtg 2100

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agtctggatc ggctgatgaa tcctctcatt 2160

gaccagtacc tgtattacct gagcaaaact cagggtacaa gtggaacaac gcagcaatcg 2220

agactgcagt tcagccaagc tgggcctagc tccatggctc agcaggccaa aaactggcta 2280

ccgggaccca gctaccgaca gcagcgaatg tctaagacgg ctaatgacaa caacaacagt 2340

gaatttgctt ggactgcagc caccaaatat tacctgaatg gaagaaattc tctggtcaat 2400

cccgggcccc caatggccag tcacaaggac gatgaggaaa agtatttccc catgcacgga 2460

aatctcatct ttggaaaaca aggcacagga actaccaatg tggacattga atcagtgctt 2520

attacagacg aagaagaaat cagaacaact aatcctgtgg ctacagaaca atacggacag 2580

gttgccacca accatcagag tcagaacacc acagcttcct atggaagtgt ggacagccag 2640

ggaatcttac ctggaatggt gtggcaggac cgcgatgtct atcttcaagg tcccatttgg 2700

gccaaaactc ctcacacgga cggacacttt catccttctc cgctcatggg aggctttgga 2760

ctgaaacacc ctcctcccca gatcctgatc aaaaacacac ctgtgccagc gaatcccgcg 2820

accactttca ctcctggaaa gtttgcttcg ttcattaccc agtattccac cggacaggtc 2880

agcgtggaaa tagagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa cccagaaatt 2940

cagtacacct ccaactacaa caagtcggtg aatgtggagt ttaccgtgga cgcaaacggt 3000

gtttattctg aaccccgccc tattggcact cgttacctta cccggaactt gtaatttcct 3060

gttaatgaat aaaccgattt atgcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120

tc 3122

<210> 147

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 147

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn Arg Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr
580 585 590
Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 148

<211> 3121

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 148

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60

acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgggtgccga tggggcgagg ctcagaataa 120

gtgccatctg tgttaacagc aaagtccaca tttgtagatt tgtagtagtt ggaagtgtat 180

tgaatctctg ggttccagcg tttgctgttt tctttctgca gctcccattc aatttccacg 240

ctgacctgtc cggtgctgta ctgcgtgatg aacgacgcca gcttagcttg actgaaggta 300

gttggaggat ccgcgggaac aggtgtattc ttaatcagga tctgaggagg cgggtgtttc 360

agtccaaagc cccccatcag cggcgaggga tgaaagtttc cgtccgtgtg aggaatcttg 420

gcccagatag gaccctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggtaaggct 480

ccttgactgt tgacggcccc tacaatagga gcggcgtttt gctgttgcag gttatcggcc 540

accacgccgt actgttctgt ggccactggg ttggtggttt taatttcttc ctcactggtt 600

agcataacgc tgctatagtc cacgttgcct tttccagctc cctgtttccc aaacattaag 660

actccgctgg acggaaaaaa tcgctcttcg tcgtccttgt gggttgccat agcgacaccg 720

ggatttacca gagagtctct gccattcaga tgatacttgg tggcaccggt ccaggcaaag 780

ttgctgttgt tattttgcga cagtgtcgtg gagacgcgtt gctgccggta gcagggcccg 840

ggtagccagt ttttggcctg agccgacatg ttattaggcc cggcctgaga aaatagcaac 900

tgctgagttc ctgcggtacc tcccgtggac tgagtccgag acaggtagta caggtactgg 960

tcgatgaggg ggttcatcag ccggtccagg ctttggctgt gcgcgtagct gctgtgaaaa 1020

ggcacgtcct caaactggta gctgaactca aagttgttgc ccgttctcag catttgagaa 1080

ggaaagtact ccaggcagta gaaggaggaa cggcccacgg cctgactgcc attgttcaga 1140

gtcaggtacc cgtactgagg aatcatgaag acgtccgccg ggaacggagg caggcagccc 1200

tggcgcgcag agccgaggac gtacgggagc tggtattccg agtccgtaaa gacctgaatc 1260

gtgctggtaa ggttattggc gatggtcttg gtgccttcat tctgcgtgac ctccttgacc 1320

tggatgttga agagcttgaa gttgagtctc ttgggccgga atccccagtt gttgttgatg 1380

agtcgctgcc agtcacgtgg tgagaagtgg cagtggaatc tgttaaagtc aaaatacccc 1440

caggggggtgc tgtagccgaa gtaggtgttg tcgttggtgc ttcctcccga agtcccgttg 1500

gagatttgct tgtagaggtg gttgttgtag gtggggaggg cccaggttcg ggtgctggtg 1560

gtgatgactc tgtcgcccag ccatgtggaa tcgcaatgcc aatttcctga ggaactaccc 1620

actccgtcgg cgccttcgtt attgtctgcc attggagcgc caccgcctgc agccattgta 1680

ccagatccca gaccagaggg gcctgcgggg ggttctccga ttggttgagg gtcgggcact 1740

gactctgagt cgccagtctg cccaaagttg agtctctttt tcgcgggctg ctggcctttc 1800

ttgccgatgc ccgtagtgga gtctggagaa cgctggggtg atggctctac cggtctcttc 1860

tttccaggag ccgtcttagc gccttcctca accagaccga gaggttcgag aacccgcttc 1920

ttggcctgga agactgctcg tccgaggttg cccccaaaag acgtatcttc ttgcagacgc 1980

tcctgaaact cggcgtcggc gtggttatac cgcaggtacg gattgtcacc cgctttgagc 2040

tgctggtcgt aggccttgtc gtgctcgagg gccgctgcgt ccgccgcgtt gacgggctcc 2100

cccttgtcga gtccgttgaa gggtccgagg tacttgtagc caggaagcac cagaccccgg 2160

ccgtcgtcct gcttttgctg gttggctttg ggcttcgggg ctccaggttt cagcgcccac 2220

cactcgcgaa tgccctcaga gaggttgtcc tcgagccaat ctggaagata accatcggca 2280

gccatacctg atctaaatca tttattgttc aaagatgcag tcatccaaat ccacattgac 2340

cagatcgcag gcagtgcaag cgtctggcac ctttcccatg atatgatgaa tgtagcacag 2400

tttctgatac gccttttga cgacagaaac gggttgagat tctgacacgg gaaagcactc 2460

taaacagtct ttctgtccgt gagtgaagca gatatttgaa ttctgattca ttctctcgca 2520

ttgtctgcag ggaaacagca tcagattcat gcccacgtga cgagaacatt tgttttggta 2580

cctgtccgcg tagttgatcg aagcttccgc gtctgacgtc gatggctgcg caactgactc 2640

gcgcacccgt ttgggctcac ttatatctgc gtcactgggg gcgggtcttt tcttggctcc 2700

acccttttg acgtagaatt catgctccac ctcaaccacg tgatcctttg cccaccggaa 2760

aaagtctttg acttcctgct tggtgacctt cccaaagtca tgatccagac ggcgggtgag 2820

ttcaaatttg aacatccggt cttgcaacgg ctgctggtgt tcgaaggtcg ttgagttccc 2880

gtcaatcacg gcgcacatgt tggtgttgga ggtgacgatc acgggagtcg ggtctatctg 2940

ggccgaggac ttgcatttct ggtccacgcg caccttgctt cctccgagaa tggctttggc 3000

cgactccacg accttggcgg tcatcttccc ctcctcccac cagatcacca tcttgtcgac 3060

acagtcgttg aagggaaagt tctcattggt ccagttgacg cagccgtaga agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 149

<211> 733

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 149

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Leu
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe His Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190
Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr
245 250 255
Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala
370 375 380
Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met
405 410 415
Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn
435 440 445
Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe
450 455 460
Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln
465 470 475 480
Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly
485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
500 505 510
Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser
515 520 525
Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
530 535 540
Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu
545 550 555 560

Gly Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
565 570 575
Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
580 585 590
Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685

Ser Lys Arg Arg Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 150

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 150

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr

580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 151

<211> 3127

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 151

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60

attgattaac atgcaattac agattacggg tgaggtaacg agtgccaata gggcgaggct 120
cagagtaaac accctggctg tcaacggcaa agtccacacc agtctgcttt tcaaagttgg 180
aggtgtactg aatctccggg tcccagcgct tgctgttttc cttctgcagc tcccactcga 240
tttccacgct gacttgtccg gtgctgtact gtgtgatgaa cgaagcaaac ttggcaggag 300
taaacacctc cggaggatta gcgggaacgg gagtgttctt gatcaggatc tgaggaggcg 360
gatgtttaag tccaaagccg cccatcaaag gagacgggtg aaagttgcca tccgtgtgag 420
gaatcttggc ccagatggga ccctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccag 480

gtaaggctcc ctggttgttg acaacttgtg tctgggctgc agtattagcc gcttgtaagt 540
tgctgctgac tatcccgtat tcttccgtgg ctacaggatt agtaggacga atttcttctt 600
catttgtcat taacacattt tccaatgtag ttttgttagt tgctccagtt tttccaaaaa 660
tcaggactcc gctggatggg aaaaagcggt cctcgtcgtc cttgtgagtt gccatggcga 720
cgccgggatt aaccaacgag tttctgccgt tcaggtgata tttggtggca ccagtccaag 780
caaagttgct gttgttgttt tgatccagcg ttttggagac cctttgttgc cggaagcagg 840
gtccaggtaa ccaattcttg gcttgttcgg ccatagttga aggcccgccc tggtaaaact 900

gcagttcccg attgccagct gtgcctcctg ggtcactctg tgttctggcc aggtagtaca 960
agtactggtc gatgagggga ttcatcagcc ggtccaggct ctggctgtgt gcgtagctgc 1020
tgtggaaagg cacgtcctcg aagctgtagc tgaactcaaa gttgttgccc gttctcagca 1080
tctgagaggg gaagtactcc aggcagtaga aggaggaacg tcccacagac tgactgccat 1140
tgttgagagt caggtagccg tactgaggaa tcatgaagac gtccgccggg aacggaggca 1200
ggcagccctg gtgcgcagag ccgaggacgt acggcagctg gtattccgag tccgagaata 1260
cctgaatcgt gctggtaagg ttattagcga tggtcgtaac gccgtcattc gtcgtgacct 1320

ccttgacctg gatgttgaag agcttgaacc gcagcttctt gggccggaat ccccagttgt 1380
tgttgatgag tcgctgccag tcacgtggtg agaagtggca gtggaatctg ttaaagtcaa 1440
aataccccca gggggtgctg tagccgaagt aggtgttgtc gttggtacta cctgcagttt 1500
cactggagat ttgctcgtag aggtggttgt tgtaggtggg cagggcccag gttcgggtgc 1560
tggtggtaat gactctgtcg cccagccatg tggaatcgca atgccaattt cctgaggcat 1620
tacccactcc gtcggcacct tcgttattgt ctgccattgg tgcgccaccg cctgcagcca 1680
ctgtaccaga tcccacacta gagggcgctg ctggaggttc tccgagaggt tgagggtcgg 1740

ggactgactc tgagtcgcca gtctgaccga aattgagtct ctttctggcg ggctgctggc 1800

ccttcttgcc gatgcccgtg gaggagtcgg gggaacgctg aggtgacggc tctaccggtc 1860

tcttctttgc aggagccgtc ttagcgcctt cctcaaccag accgagaggt tcgagaaccc 1920

gcttcttggc ctggaagact gctcgcccga ggttgccccc aaatgacgta tcttcttgca 1980

gacgctcctg aaactcggcg tcggcgtggt tataccgcag gtacgggttg tcacccgcat 2040

tgagctgctg gtcgtaggcc ttgtcgtgct cgagggccgc tgcgtccgcc gcgttgacgg 2100

gctccccctt gtcgagtccg ttgaagggtc cgaggtactt gtagccagga agcaccagac 2160

cccggccgtt gtcctgcttt tgctggttgg ctttgggttt cggggctcca ggtttcaggt 2220

cccaccactc gcgaatgccc tcagagaggt tgtcctcgag ccaatctgga agataaccat 2280

cggcagccat acctgattta aatcatttat tgttcaaaga tgcagtcatc caaatccaca 2340

ttgaccagat cgcaggcagt gcaagcgtct ggcacctttc ccatgatatg atgaatgtag 2400

cacagtttct gatacgcctt tttgacgaca gaaacgggtt tagattctga cacgggaaag 2460

cactctaaac agtctttctg tccgtgagtg aagcagatat ttgaattctg attcattctc 2520

tcgcattgtc tgcagggaaa cagcatcaga ttcatgccca cgtgacgaga acatttgttt 2580

tggtacctgt ctgcgtagtt gatcgaagct tccgcgtctg acgtcgatgg ctgcgcaact 2640

gactcgcgca cccgtttggg ctcacttata tctgcgtcac tgggggcggg tcttttcttg 2700

gctccaccct ttttgacgta gaattcatgc tccacctcaa ccacgtaatc ctttgcccac 2760

cggaaaaagt ctttgacttc ctgcttggtg accttcccaa agtcatgatc cagacggcgg 2820

gtgagttcaa atttgaacat ccggtcttgc aacggctgct ggtgttcgaa ggtcgttgag 2880

ttcccgtcga tcacggcgca catgttggtg ttggagatga cgatcgcggg agtcgggtct 2940

atctgggccg aggacttgca tttctggtcc acgcgcacct tgcttcctcc gagaatggct 3000

ttggccgact ccacgacctt ggcggtcatc ttcccctcct cccaccagat caccatcttg 3060

tcgacacagt cgttgaaggg aaagttctca ttggtccagt tgacgcagcc gtagaaaggg 3120

cgaattc 3127

<210> 152

<211> 728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 152

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Arg Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Val Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145                 150                 155                 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
                165                 170                 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
            180                 185                 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
        195                 200                 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
    210                 215                 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225                 230                 235                 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
```

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Ser Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Val His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Cys Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 153

<211> 3106

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 153

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60

attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120

cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tcccactcga 240

tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300

taaacacctc tggaggatta gcaggtaccg gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360

ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420

gaattttggc ccagatggga ccctgcaggc acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480

gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tctggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540

tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctcct 600

cgctggtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agcccccgtt ttgccaaaaa 660

ccagcactcc gttgatggga aagaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720

cgcccgggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780

caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840

gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccatggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900

gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg attcatcagc cggtctaggc tctggctgtg cacatagctg ctgtggaaag 1020

gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttattgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgtttagag 1140

tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200

ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260

tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgccgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320

ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380

gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440

aggggggtgct gtagctgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatatct 1500

gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560

ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc ggaggcatta cccactccgt 1620

cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgccaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680

ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740

agtcgccagt ctgcccaaag ttgagcttct ttttagcggg ctgctggcct ttcttgccga 1800

tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccaggagcc gtcttagcga 1860

cttcctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920

cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980

ggttgtactt gaggtacggg ttgtcccccc gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040

gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgagt ccgttgaagg 2100

gtctgaggta cttgtagcca ggaagcacca gaccccggcc gtcgtcctgc ttttgctggt 2160

tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctcgcgaatg ccctcagaga 2220

ggttgtcctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280

tattgctcag aaacacagtc atccaggtcc acgttgacca gatcgcaggc cgagcaagca 2340

atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400

ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460

tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc actctctcgc atgtcttgca gggaaacagc 2520

atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc 2580

ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga ttcgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc 2640

tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ccccaccctt tctgacgtag 2700

aacccatgcg ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaacct tttgacttcc 2760

tgctttgtca ccttgccaaa gttatgctcc agacggcggg tgggttcaaa tttgaacatc 2820

cggtcctgca acggctgctg gtgctcgaag gtggcgctgt tcccgtcaat cacggcgcac 2880

atgttggtgt tggaggtgac ggtcacgggg gtggggtcga tctgggcgga cgacttgcac 2940

ttttggtcca cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg 3000

gccgtcatct tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cggcgcaatc gttgaaggga 3060

aagttctcat tggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3106

<210> 154

<211> 728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 154

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Ser Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Cys Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Val

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Leu

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Arg Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Glu Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 155

<211> 3102

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 155

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60

attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120

cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tcccactcga 240

tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300

taaacacctc tggaggatta gcaggtaccg gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360

ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420

gaatttcggc ccagatggga ccctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480

gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tccggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540

tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctcct 600

cgctggtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agcccccgtt ttgccaaaaa 660

ccagcactcc gttgatggga aggaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720

cgcccgggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780

caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840

gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccacggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900

gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg attcatcagc cggtccaggc tctggctgtg cgcatagctg ctgtggaaag 1020

gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttattgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

gaaagtactc caggcagcag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgtttagag 1140

tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200

ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260

tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgccgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320
ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380
gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440
agggggtgct gtagccgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatatct 1500
gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560
ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc ggaggcatta cccactccgt 1620
cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgccaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680

ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740
agtcgccagt ctgcccaaag ttgagcttct ttttagcggg ctgctggcct ttcttgccga 1800
tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccggaagcc gtcttagcgc 1860
cttcctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920
cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980
ggttgtactt gaggtacggg ttgtcccccc gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040
gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgagt ccgttgaagg 2100

gtccgaggta cttgtagcca ggaagcacca gaccccggcc gtcgtcctgc ttttgctggt 2160
tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctcgcgaatg ccctcagaga 2220
ggttgtcctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280
tattgctcag aaacacagtc atccaggtcc acgttgacca gatcgcaggc cgagcaagca 2340
atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400
ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460
tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc attctctcgc atgtcttgca gggaaacagc 2520

atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc 2580
ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaagc ccgcttgggc 2640
tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag 2700
aactcatgcg ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaactc tttgacttcc 2760
tgctttgtca ccttgccaaa gtcatgctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc 2820
cggtcttgta acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat cacggcgcac 2880
atgttggtgt tggaagtgac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga cgacttgcac 2940

ttttggtcca cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg 3000

gccgtcatct tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga 3060

aagttctcat tggtccagtt gacgcagccg aagggcgaat tc 3102

<210> 156

<211> 728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 156

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 157

<211> 728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 157

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Gly Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln

145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asp Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 158

<211> 3106

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 158

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat cagccggttt 60

attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120

cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tcccactcga 240

tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300

taaacacctc tggaggatta gcaggtaccg gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360

ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420

gaattttggc ccagatggga ccctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480

gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tctggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540

tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctcct 600

cgctggtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agcccccgtt ttgccaaaaa 660

ccagcactcc gttgatggga aagaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720

cgcccgggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780

caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840

gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccatggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900

gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg attcatcagc cggtccaggc tctggctgtg cgcatagctg ctgtggaaag 1020

gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttatcgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgtttagag 1140

tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200

ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260

tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgccgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320

ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380

gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440

agggggtgct gtagccgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatatct 1500

gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560

ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc ggaggcatta cccactccgt 1620

cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgccaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680

ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740

agtcgccagt ctgcccaaag ttgagcttct ttttagcggg cggctggccg ttcttgccga 1800

tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccaggagcc gtcttagcgc 1860

cttcctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920

cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980

ggttgtactt gaggtacggg ttgtcccccc gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040

gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgagt ccgttgaagg 2100

gtccgaggta cctgtagcca ggaagcacca gaccccggcc gtcgtcctgc ttttgctggt 2160

tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctcgcgaatg ccctcagaga 2220

ggttgccctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280

tattgctcag aaacacagtc atccaggtcc acgttggcca gatcgcaggc cgagcaagca 2340

atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400

ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460

tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc attctctcgc atgtcttgca ggggaacagc 2520
atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc 2580
ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc 2640
tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag 2700
aactcatacg ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaactc tttgacttcc 2760
tgctttgtca ccttgccaaa gtcatgctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc 2820
cggtcttgta acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat cacggcgcac 2880

atgttggtgt tggaagtgac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga cgacttgcac 2940
ttttggtcca cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg 3000
gccgtcatcc tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga 3060
aagttctcat tggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3106

<210> 159
<211> 728
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 159

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Met Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Gly Gln Phe Phe

515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Gly Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Leu Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 160

<211> 3098

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 160

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60

acaagtaatt acaggttacg ggtgaggtaa cgggtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acccccttcgt tgttgacagc aaattccaca ttattagact tggcataatt tgaggtgtac 180

tgaatctctg gattccagcg tttgctgttt tctttctgca gttcccactc gatctccacg 240

ctgacctggc cggtgctgta ctgcgtgata aatgaggcaa actaggcagg agtaaacacc 300

cctggaggat tagcaggtac cggggtgttt ttgatgagaa tttgaggagg cgggtgtttg 360

agtccaaatc cgcccatcag gggagacggg tgaaagttgc cgtccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc gggcagagcc 480

ccctggctgt tgacagtctg tgtctggggt ccggccgtag acgattgcag gttgctggag 540

accacaccgt attcttctgt agccacggga ttggtggttt tgatctcctc ctcgctggtc 600

attagcacgt tttccagcgt tgtcttgttg gcagcccccg ttttgccaaa aaccagcact 660

ccgttgatgg gaaagaactg gccctcgtcg tccttgttgg tggccatggc tacgcccggg 720

ttggttaatg aatttctacc attcagatgg tatttagtgg ccccggtcca ggcaaagtta 780

ctgttgttgt tgctgtctat gttttttgac agtctctgct gccgataaca gggtccgggc 840

agccagttct ttgattgctc ggccatggtg ttgggcccag cctgatggaa ctgcagctcc 900

cttgtggacc ccgtagtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgagg 960

ggattcatca gccggtccag gctctggctg tgcgcatagc tgctgtggaa aggcacttcc 1020

tcaaaggtgt agctgaattc aaagttattg cccgttctca gcatctgaga aggaaagtac 1080

tccaggcagt agaaggagga acgtcccata gactgactgc cgttgtttag agtcagatat 1140

ccgtactgag gaatcatgaa cacgtccgca gggaacggag ggaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ttggtactcc gagtccgaga agacctgaat cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt aacgccgtcg ttcgtcgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aacaacttga accgcagctt tctgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttgaagt caaaatagcc ccaggggtg 1440

ctgtagccga agaagtggtt gtcgttggta gccccgctct gacttgatat ctgcttgtag 1500

aggtggttgt tgtaggtggg cagggcccag gtgcgggtgc tggtggtgat gactctgtcg 1560

cccagccatg tggaatcgca atgccaattt ccggaggcat tacccactcc gtcggcgcct 1620

tcgttattgt ctgccattgg tgcgccaccg cctgcagcca ttgtaccaga tcccagacct 1680

gagggcgcgg cgggaggttc tccgagaggt tgggggtcgg gcactgactc tgagtcgcca 1740

gtctgcccaa agttgagctt ctttttagcg ggctgctggc ctttcttgcc gatgcccgtg 1800

gaggagtcgg gggattctat gggtctcttc tttccaggag ccgtcttagc gccttcctca 1860

accagaccga gaggttcgag aacccgcttc ttggcctgga agactgctcg cccgaggttg 1920

cccccaaaag acgtatcttc ttgaagacgc tcctgaaact cagcgtcggc gtggttgtac 1980

ttgaggtacg ggttgtcccc ctgctcgagc tgcttgtcgt aggccttgtc gtgctcgagg 2040

gccgcggcgt ctgcctcgtt gaccggctct cccttgtcga gtccgttgaa gggtccgagg 2100

tacttgtagc caggaagcac cagaccccgg ccgtcgtcct gcttttgctg gttggctttg 2160

ggtttcgggg ctccaggttt caagtcccac cactcgcgaa tgccctcaga gaggttgtcc 2220

tcgagccaat ctggaagata accatcggca gccatacctg gtttaagtca tttattgctc 2280

agaaacacag tcatccaggt ccacgttgac cagatcgcag gccgagcaag caatctcggg 2340

agcccgcccc agcagatgat gaatggcaca gagtttccga tacgtcctct ttctgacgac 2400

cggttgagat tctgacacgc cggggaaaca ttctgaacag tctctggtcc cgtgcgtgaa 2460

gcaaatgttg aaattctgat tcattctctc gcatgtcttg cagggaaaca gcatctgaag 2520

catgcccgcg tgacgagaac atttgttttg gtacctgtcg gcaaagtcca ccggagctcc 2580

ttccgcgtct gacgtcgatg gatccgcgac tgaggggcag gcccgcttgg gctcgctttt 2640

atccgcgtca tcgggggcgg gcctcttgtt ggctccaccc tttctgacgt agaactcatg 2700

cgccacctcg gtcacgtgat cctgcgccca gcggaagaac tctttgactt cctgctttgt 2760

caccttgcca aagtcctgct ccagacggcg ggtgagttca aatttgaaca tccggtcttg 2820

taacggctgc tggtgctcga aggtggtgct gttcccgtca atcacggcgc acatgttggt 2880

gttggaagtg acgatcacgg gggtgggatc gatctgggcg gacgacttgc acttttggtc 2940

cacgcgcacc ttgctgccgc cgagaatggc cttggcggac tccacgacct tggccgtcat 3000

cttgccctcc tcccaccaga tcaccatctt gtcgacgcaa tcgttgaagg gaaagttctc 3060

attggtccag ttgacgcagc cgtagaaagg gcgaattc 3098

<210> 161

<211> 2187

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 161

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgagggca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaacggccag 480

ccgcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 540

ccccaacctc tcggagaacc tcccgccgcg ccctcaggtc tgggatctgg tacaatggct 600

gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 660

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 720

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 780

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 840

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 900

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 960

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1020

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1080

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1140

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1200

acgggcgata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1260

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1320

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1380

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1440

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1500

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1560

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1620

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1680

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1740

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 1800

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 1860

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 1920

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 1980

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2040

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2100

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2160

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaa 2187

<210> 162

<211> 728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 162

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Gly Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln

145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asp Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 163
<211> 728
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 163
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asp Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 164
<211> 728
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 164
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160
Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 165

<211> 728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 165

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln

145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 166
<211> 728
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 166

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 167

<211> 2215

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 167

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat ctgcggataa caacaacagt 1500

gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg gcagagactc tctggtgaat 1560

ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa agtttttttc ctcagagcgg 1620

ggttctcatc tttgggaagc aaggctcaga gaaaacaaat gtggacattg aaaaggtcat 1680

gattacagac gaagaggaaa tcaggacaac caatcccgtg gctacggagc agtatggttc 1740

tgtatctacc aacctccaga gaggcaacag acaagcagct accgcagatg tcaacacaca 1800

aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga cagagatgtg taccttcagg ggcccatctg 1860

ggcaaagatt ccacacacgg acggacattt tcacccctct cccctcatgg gtggattcgg 1920

acttaaacac cctccgcctc agatcctgat caagaacacg cctgtacctg cggatcctcc 1980

gaccaccttc aaccagtcaa agctgaactc tttcatcacc cagtattcta ctggccaagt 2040

cagcgtggag atcgagtggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga accccgagat 2100

ccagtacacc tccaactact acaaatctac aagtgtggac tttgctgtta atacagaagg 2160

cgtgtactct gaaccccgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaatc tgtaa 2215

<210> 168

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 168

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Lys Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His
515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met
545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala

580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 169
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 169
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Lys Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe

530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gln Gly Asn Thr Gln Ala
580 585 590
Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735
Leu

<210> 170

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 170

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gln Gly Asn Thr Gln Ala
580 585 590
Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 171

<211> 729

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 171

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415
Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430
Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445
Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460
Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480
Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495
Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510
Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525
Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540
Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys

545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575
Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590
Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro

610 615 620
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile

625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr

645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp

675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val

690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 172

<211> 3075

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 172

tgagaacttt cctttcaacg attgcgtcgg acaagatggt gatctggtgg gaggagggga 60

agatgaccgc caaggtcgtg gagtcggcca aagccattct tggaggaagc aaggtgcgtg 120

tggaccagaa atgcaagtcc tcggcccaga tagacccgac tcccgtgatc gtcacctcca 180

acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga actcaacgac cttcgagcac cagcagccgt 240

tgcaagaccg gatgttcaaa tttgaactta cccgccgtct ggatcatgac tttggaaagg 300

tcaccaagca ggaagtgaaa gacttttcc ggtgggcaaa ggatcacgtg gttgaggtgg 360

agcatgaatt ctacgtcaaa aagggtggag ctaagaaaag acccgccccc agtgacgcag 420

atataagtga gcccaaacgg gcgcgcgagt cagttgcgca gccatcaacg tcagacgcgg 480

aagcttcgat caactacgcg gacaggtacc aaaaacaaat gttctcgtca cgtgggcatg 540

aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga atcagaattc aaatatctgc 600

ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg tgtcagaatc tcaacccgtt 660

tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc atcatatcat gggaaaggtg 720

ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt tggatgactg catctctgaa 780

caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat cctccagatt ggctcgagga 840

cactctctct gaagggataa gacagtggtg gaagctcaaa cctggcccac caccaccaaa 900

gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg cttcctgggt acaagtacct 960

cggacccttc aacggactcg acaaggggga gccggtcaac gaggcagacg ccgcggccct 1020

cgagcacgac aaggcctacg accggcagct cgacagcgga gacaacccgt acctcaagta 1080

caaccacgcc gacgcagagt ttcaggagcg ccttaaagaa gatacgtctt ttgggggcaa 1140

cctcggacga gcagtcttcc aggcgaaaaa gagggttctt gaacctctgg gcctggttga 1200

ggaacctgtt aagacggctc cgggaaaaaa gaggccggta gagcactctc ctgtggagcc 1260

agactcctcc tcgggaaccg gaaaagcggg ccagcggcct gcaagaaaaa gattaaattt 1320

tggtcagact ggagacgcag actccgtacc tgacccccag cctctcggac agccaccagc 1380

agccccctct ggtctgggat ctactacaat ggctacaggc agtggcgcac caatggcaga 1440

caataacgag ggtgccgatg gagtgggtaa ttcctcagga aattggcatt gcgattccca 1500

atggctgggc gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc tgggccctgc ccacatacaa 1560

caaccacctc tacaagcaaa tctccagcca atcaggagcc agcaacgaca accactactt 1620

tggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttttcacc 1680

acgtgactgg caaagactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaaa gactcaactt 1740

caagctcttt aatattcaag tcaaagaggt cacgcagaat gacggtacga cgacgattgc 1800

caataacctt accagcacgg ttcaggtgtt tactgactcg gagtaccagc tcccgtacgt 1860

cctgggctcg gcgcatcaag gatgcctccc gccgtttcca gcggacgtct tcatggtccc 1920

acagtatgga tacctcaccc tgaacaacgg gagtcaggcg gtaggacgct cttcctttta 1980

ctgcctggag tactttcctt ctcagatgct gcgtactgga aacaactttc agttcagcta 2040

cacttttgaa gacgtgcctt tccacagcag ctacgctcac agccagagtc tggatcggct 2100

gatgaatcct ctgatcgacc agtacctgta ttatctgaac aagacacaaa caaatagtgg 2160

aactcttcag cagtctcggc tactgtttag ccaagctgga ccaaccaaca tgtctcttca 2220

agctaaaaac tggctgcctg gaccttgcta cagacagcag cgtctgtcaa aacaggcaaa 2280

cgacaacaac aacagcaact ttccctggac tgcagctaca aagtatcatc taaatggccg 2340

ggactcgttg gttaatccag gaccagctat ggccagtcac aaggatgacg aagaaaagtt 2400

tttccccatg catggaaccc tgatatttgg taaacaagga acaaatgcca acgacgcgga 2460

tttggaaaat gtcatgatta cagatgaaga agaaatcagg gccaccaatc ccgtggctac 2520

ggagcagtac gggactgtgt caaataattt gcaaaactca aacactggtc caactactgg 2580

aactgtcaat cgccaaggag cgttacctgg tatggtgtgg caggatcgag acgtgtacct 2640

gcagggaccc atttgggcca agattcctca caccgatgga cactttcatc cttctccact 2700

gatgggaggt tttggactca aacacccgcc tcctcagatc atgatcaaaa acactcccgt 2760

tccagccaat cctcccacaa acttcagttc tgccaagttt gcttctttca tcacacagta 2820

ttccacggga caggtcagcg tggagatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2880

ctggaatccc gaaattcagt acacttccaa ctacaacaag tctgttaatg tggactttac 2940

tgtggacact aatggtgtgt attcagagcc tcgccccatt ggcaccagat acctgactcg 3000

taatctgtaa ttgcttgtta atcaataaac cgtttaattc gtttcagttg aactttggtc 3060

tctgcgaagg gcgaa 3075

<210> 173

<211> 3142

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 173

aaaacgacgg gccagtgatt gtaatacgac tcactatagg gcgaaattga aattagcggc 60

cgcgaattcg cctttcgcag agaccaaagt tcaactgaaa cgaattaaac ggtttattga 120

ttaacaagca attacagatt acgagtcagg tatctggtgc caatggggcg aggctctgaa 180

tacacaccat tagtgtccac agtaaagtcc acattaacag acttgttgta gttggaagtg 240

tactgaattt cgggattcca gcgtttgctg ttctccttct gcagctccca ctcgatctcc 300

acgctgacct gtcccgtgga atactgtgtg atgaaagaag caaacttggc agaactgaag 360

tttgtgggag gattggctgg aacgggagtg tttttgatca tgatctgagg aggcgggtgt 420

ttgagtccaa aacctcccat cagtggagaa ggatgaaagt gtccatcggt gtgaggaatc 480

ttggcccaaa tgggtccctg caggtacacg tctcgatcct gccacaccat accaggtaac 540

gctccttggt gattgacagt tccagtagtt ggaccagtgt ttgagttttg caaattattt 600

gacacagtcc cgtactgctc cgtagccacg ggattggtgg ccctgatttc ttcttcatct 660

gtaatcatga cattttccaa atccgcgtcg ttggcatttg ttccttgttt accaaatatc 720

agggttccat gcatggggaa aaacttttct tcgtcatcct tgtgactggc catagctggt 780

cctggattaa ccaacgagtc ccggccattt agatgatact ttgtagctgc agtccaggga 840

aagttgctgt tgttgttgtc gtttgcctgt tttgacagac gctgctgtct gtagcaaggt 900

ccaggcagcc agtttttagc ttgaagagac atgttggttg gtccagcttg gctaaacagt 960

agccgagact gctgaagagt tccactattt gtttgtgtct tgttcagata atacaggtac 1020

tggtcgatca gaggattcat cagccgatcc agactctggc tgtgagcgta gctgctgtgg 1080

aaaggcacgt cttcaaaagt gtagctgaac tgaaagttgt ttccagtacg cagcatctga 1140

gaaggaaagt actccaggca gtaaaaggaa gagcgtccta ccgcctgact cccgttgttc 1200

agggtgaggt atccatactg tgggaccatg aagacgtccg ctggaaacgg cgggaggcat 1260

ccttgatgcg ccgagcccag gacgtacggg agctggtact ccgagtcagt aaacacctga 1320

accgtgctgg taaggttatt ggcaatcgtc gtcgtaccgt cattctgcgt gacctctttg 1380

acttgaatat taaagagctt gaagttgagt cttttgggcc ggaatccccg gttgttgttg 1440

acgagtcttt gccagtcacg tggtgaaaag tggcagtgga atctgttgaa gtcaaaatac 1500

ccccaggggg tgctgtagcc aaagtagtgg ttgtcgttgc tggctcctga ttggctggag 1560

atttgcttgt agaggtggtt gttgtatgtg ggcagggccc aggttcgggt gctggtggtg 1620

atgactctgt cgcccagcca ttgggaatcg caatgccaat ttcctgagga attacccact 1680

ccatcggcac cctcgttatt gtctgccatt ggtgcgccac tgcctgtagc cattgtagta 1740

gatcccagac cagaggggggc tgctggtggc tgtccgagag gctgggggtc aggtacggag 1800

tctgcgtctc cagtctgacc aaaatttaat ctttttcttg caggctgctg gcccgctttt 1860

ccggttcccg aggaggagtc tggctccaca ggagagtgct ctaccggcct ctttttttccc 1920

ggagccgtct taacaggctc ctcaaccagg cccagaggtt caagaaccct ctttttcgcc 1980

tggaagactg ctcgtccgag gttgccccca aaagacgtat cttctttaag gcgctcctga 2040

aactctgcgt cggcgtggtt gtacttgagg tacgggttgt ctccgctgtc gagctgccgg 2100

tcgtaggcct tgtcgtgctc gagggccgcg gcgtctgcct cgttgaccgg ctccccctg 2160

tcgagtccgt tgaagggtcc gaggtacttg tacccaggaa gcacaagacc cctgctgtcg 2220

tccttatgcc gctctgcggg ctttggtggt ggtgggccag gtttgagctt ccaccactgt 2280

cttattcctt cagagagagt gtcctcgagc caatctggaa gataaccatc ggcagccata 2340

cctgatttaa atcatttatt gttcagagat gcagtcatcc aaatccacat tgaccagatc 2400

gcaggcagtg caagcgtctg gcacctttcc catgatatga tgaatgtagc acagtttctg 2460

atacgccttt ttgacgacag aaacgggttg agattctgac acgggaaagc actctaaaca 2520

gtctttctgt ccgtgagtga agcagatatt tgaattctga ttcattctct cgcattgtct 2580

gcagggaaac agcatcagat tcatgcccac gtgacgagaa catttgtttt ggtacctgtc 2640

cgcgtagttg atcgaagctt ccgcgtctga cgtcgatggc tgcgcaactg actcgcgcgc 2700
ccgtttgggc tcacttatat ctgcgtcact gggggcgggt cttttcttag ctccaccctt 2760
tttgacgtag aattcatgct ccacctcaac cacgtgatcc tttgcccacc ggaaaaagtc 2820
tttcacttcc tgcttggtga cctttccaaa gtcatgatcc agacggcggg taagttcaaa 2880
tttgaacatc cggtcttgca acggctgctg gtgctcgaag gtcgttgagt tcccgtcaat 2940
cacggcgcac atgttggtgt tggaggtgac gatcacggga gtcgggtcta tctgggccga 3000
ggacttgcat ttctggtcca cacgcacctt gcttcctcca agaatggctt tggccgactc 3060

cacgaccttg gcggtcatct tcccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatg 3120
gtaaaaggaa agttctcatt gg 3142

<210> 174
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 174

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asp Lys Ala Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735

<210> 175
<211> 740
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2

<400> 175
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu

725 730 735

Leu Ala Ala Ala

740

<210> 176

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 176

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Met Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Ile Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730

<210> 177

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 177

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Glu Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730

<210> 178
<211> 739
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2

<400> 178

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu
725 730 735

Leu Ala Ala

<210> 179

<211> 725

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 179

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro
725

<210
> 180
<211> 707
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 180
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Cys Ile Tyr Gln Pro Pro Glu Arg Gln Gln Thr Ser Ser Tyr

580 585 590

Arg Arg Cys Gln His Thr Arg Arg Ser Ser Arg His Gly Leu Ala Gly

595 600 605

Gln Arg Cys Val Pro Ser Gly Ala His Leu Gly Lys Asp Ser Thr His

610 615 620

Gly Arg Thr Phe Ser Pro Leu Ser Pro His Gly Trp Ile Arg Thr Thr

625 630 635 640

Pro Ser Ser Thr Asp Ser His Gln Glu His Pro Gly Thr Cys Glu Ser

645 650 655

Phe Asp His Leu Gln Cys Gly Lys Val Cys Phe Leu His His Thr Val

660 665 670

Leu His Gly Thr Gly Gln Arg Gly Asp Arg Val Arg Ala Ala Glu Gly

675 680 685

Lys Gln Gln Thr Leu Glu Ser Arg Asn Ser Val His Phe Gln Leu Gln

690 695 700

Gln Val Cys

705

<210> 181

<211> 739

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 181

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu

725 730 735

Leu Ala Ala

<210> 182

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 182

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala

580 585 590

Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His His Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
Leu

<210> 183
<211> 741
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 183
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Leu Ala Asn His Asn

580 585 590

Asn Thr Thr Asn Ala Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln

595 600 605

Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln

610 615 620

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro

625 630 635 640

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile

645 650 655

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser

660 665 670

Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

675 680 685

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp

690 695 700

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Ile Asn Val

705 710 715 720

Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile

725 730 735

Gly Thr Arg Tyr Leu

740

<210> 184

<211> 730

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 184

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

```
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
    290                 295                 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305                 310                 315                 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
                325                 330                 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
            340                 345                 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
        355                 360                 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
    370                 375                 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385                 390                 395                 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
                405                 410                 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
            420                 425                 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
        435                 440                 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser
    450                 455                 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
                485                 490                 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
```

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg
725 730

<210> 185

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<220><221> MOD_RES

<222> (239)..(239)

<223> Any amino acid

<400> 185

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Xaa Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

<210> 186

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 186

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Leu Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730

<210> 187

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 187

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Cys Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Asn Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser Arg

450 455 460

Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg Phe

565 570 575

Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala Thr

580 585 590

Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730

<210> 188

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 188

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Ser Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Ile Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730

<210> 189
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 189
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Gly Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu

725 730 735

Arg Pro

<210> 190

<211> 2208

<212

> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 190

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatgg cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg gcaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga cgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 191

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 191

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Gly Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Gly Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Thr Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 192

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 192

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc tcgcagagcg gcatcaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc acggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caaccttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

tacagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040

gagattgagt gggagctgcg gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 193

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 193

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Leu Ala Glu Arg His Gln Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Thr Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Leu Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Tyr Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Arg Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 194
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 194

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatcaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcgtcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740
aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800
ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860
attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920
cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980
ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040
gagattgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 195
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 195

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Gln Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Arg Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 196

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 196

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatcaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgccct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tgggaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040

gagattgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 197

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 197

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Gln Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Pro Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 198
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 198

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacttg ggccctgccc acctacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctgc agggcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg ttgacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 199

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 199

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gly Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 200

<211> 3161

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 200

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

ccattcaatg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcatgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgcgt ggaccagaaa 180

tgtaagtcct cggcccagat agacccgact cccgtgattg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga ttgacgggaa ctcaacgacc ttcgagcacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaactcac ccgccgtctg gatcatgact ttgggaaggt caccaagcag 360

gaagtcaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgaattc 420

tacgtcaaaa agggtggagc caagaaaaga cccgccccca gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgggtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gagaatgaat caaaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaggact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactttg ctacattcat catatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcctgcg atctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcaaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg 960

gcataaggac gacagcgggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa 1020

cggactcgac aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agtacgacaa 1080

ggcctacgac cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga 1140

cgcggagttt caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc 1200

agtcttccag gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa 1260

gacggctccg ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc 1320

gggaacagga aaagcgggcc agcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg 1380

agacgcagac tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg 1440

tctgggaact aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg 1500

cgccgacgga gtgggtaatt cctcgggaag ttggcattgc gattccacat ggatgggcga 1560

cagagtcatc accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accatctgta 1620

caagcagatc tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac 1680

cccttggggg tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca 1740

aagactcatc aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa 1800

cattcaagtc aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac 1860

cagcacggtt caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc ccggctcggc 1920

gcatcaagga tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata 1980

cctcaccctg aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta 2040

ctttccttct cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga 2100

tgttcctttc cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct 2160

catcgaccag tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca 2220

gtccaggctt cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg 2280

gcttcctgga ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa 2340

cagtgaatac tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt 2400

gaatccgggc ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcaaag 2460

cggggttctc atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt 2520

catgattaca gacgaagagg aaatcagaac caccaatccc gtggccacgg agcagtatgg 2580

ttctgtatct accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctactgcag atgtcaacac 2640

acaaggcgtt cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgcacctgc aggggcctat 2700

ctgggcaaag attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt 2760

tggacttaaa caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcaaatcc 2820

ttcgaccacc ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacagggca 2880

ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga 2940

gatccagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa 3000

tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaatt 3060

gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc 3120

gaattcgttt aaaccctgca ggactagtcc ctttagtgag g 3161

<210> 201

<211> 3162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 201

gaattgaatt tagcggccgc gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga 60

attaaacggt ttattgatta acaagcaatt acagattacg agtcaggtat ctggtgccaa 120

tggggcgagg ctctgaatac acgccattag tgtccacagt aaagtccaca ttaacagact 180

tgttgtagtt ggaagtgtac tgaatttcgg gattccagcg tttgctgttt tccttctgca 240

gctcccactc gatctccacg ctgacctgtc ccgtggagta ctgtgtgatg aaggaagcaa 300

actttgccgc actgaaggtg gtcgaaggat tcgcaggtac cggggtgttc ttgatgagaa 360

tctgtggagg agggtgttta agtccgaatc cacccatgag gggagagggg tgaaaatgtc 420

cgtccgtgtg tggaatcttt gcccagatgg gcccctgaag gtacacatct ctgtcctgcc 480

agaccatgcc tggaagaacg ccttgtgtgt tgacatctgc ggtagctgct tgtctgttgc 540

ctctctggag gttggtagat acagaaccgt actgctccgt agccacggga ttggttgtcc 600

tgatttcctc ttcgtctgta atcatgacct tttcaatgtc cacatttgtt ttctctgagc 660

cttgcttccc aaagatgaga accccgctct gaggaaaaaa cttttcttca ttgtccttgt 720

ggcttgccat ggccgggccc ggattcacca gagagtctct gccattgagg tggtacttgg 780

tagctccagt ccacgagtat tcactgttgt tgttatccgc agatgtcttt gatactcgct 840

gctggcggta acagggtcca ggaagccagt tcctagactg gtcccgaatg tcactcgctc 900

cggcctgaga aaactgaagc cttgactgcg tggtggttcc acttggagtg tttgttgtgc 960

tcaagtaata caggtactgg tcgatgagag gattcatgag acggtccaga ctctggctgt 1020

gagcgtagcc gctgtggaaa ggaacgtcct caaaagtgta gctgaaggta aagttgtttc 1080

cggtacgcag catctgagaa ggaaagtact ccaggcagta aaatgaagag cgtcctactg 1140

cctgactccc gttgttcagg gtgaggtatc catactgtgg caccatgaag acgtctgctg 1200

ggaacggcgg gaggcatcct tgatgcgccg agccgaggac gtacgggagc tggtactccg 1260

agtcagtaaa cacctgaacc gtgctggtaa ggttattggc aatcgtcgtc gtaccgtcat 1320

tctgcgtgac ctctttgact tgaatgttaa agagcttgaa gttgagtctc ttgggtcgga 1380

atccccagtt gttgttgatg agtctttgcc agtcacgtgg tgaaaagtgg cagtggaatc 1440

tgttgaagtc aaaatacccc caaggggtgc tgtagccaaa gtagtgattg tcgttcgagg 1500

ctcctgattg gctggaaatt tgtttgtaga ggtggttgtt gtaggtgggc agggcccagg 1560

ttcgggtgct ggtggtgatg actctgtcgc ccatccatgt ggaatcgcaa tgccaatttc 1620

ccgaggaatt acccactccg tcggcgccct cgttattgtc tgccattggt gcgccactgc 1680

ctgtagccat cgtattagtt cccagaccag agggggctgc tggtggctgt ccgagaggct 1740

gggggtcagg tactgagtct gcgtctccag tctgaccaaa attcaatctt tttcttgcag 1800

gctgctggcc cgcctttccg gttcccgagg aggagtctgg ctccacagga gagtgctcta 1860

ccggcctctt ttttcctgga gccgtcttga caggttcccc aaccaggccc agaggttcaa 1920

gaaccctctt tttcgcctgg aagactgctc gtccgaggtt gcccccaaaa gacgtatctt 1980

ctttaaggcg ctcctgaaac tccgcgtcgg cgtggttgta cttgaggtac gggttgtctc 2040

cgctgtcgag ctgccggtcg taggctttgt cgtgctcgag ggccgcggcg tctgcctcgt 2100

tgaccggctc tcccttgtcg agtccgttga agggtccgag gtacttgtac ccaggaagca 2160

caagacccct gctgtcgtcc ttatgccgct ctgcgggctt tggtggtggt gggccaggtt 2220

tgagcttcca ccactgtctt attccttcag agagagtgtc ctcgagccaa tctggaagat 2280

aaccatcggc agccatacct gatttaaatc atttattgtt caaagatgca gtcatccaaa 2340

tccacattga ccagatcgca ggcagtgcaa gcgtctggca cctttcccat gatatgatga 2400

atgtagcaca gtttctgata cgccttttg acgacagaaa cgggttgaga ttctgacacg 2460

ggaaagcact ctaaacagtc tttctgtccg tgagtgaagc agatatttga attctgattc 2520

attctctcgc attgtctgca gggaaacagc atcagattca tgcccacgtg acgagaacat 2580

ttgttttggt acctgtctgc gtagttgatc gaagcttccg cgtctgacgt cgatggctgc 2640

gcaactgact cgcgcacccg tttgggctca cttatatctg cgtcactggg ggcgggtctt 2700

ttcttggctc cacccttttt gacgtagaat tcatgctcca cctcaaccac gtgatccttt 2760

gcccaccgga aaaagtcttt gacttcctgc ttggtgacct tcccaaagtc atgatccaga 2820

cggcgggtga gttcaaattt gaacatccgg tcttgcaacg gctgctggtg ttcgaaggtc 2880

gttgagttcc cgtcaatcac ggcgcacatg ttggtgttgg aggtgacgat cacgggagtc 2940

gggtctatct gggccgagga cttgcatttc tggtccacgc gcaccttgct tcctccgaga 3000

atggctttgg ccgactccac gaccttggcg gtcatcttcc cctcctccca ccagatcacc 3060

atcttgtcga cacagtcgtt gaagggaaag ttctcattgg tccagttgac gcagcaaggg 3120

cgaattcgtt taaacctgca ggactagtcc ctttagtgag gg 3162

<210> 202

<211> 3164

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 202

gcgaattgaa tttagcggcc gcgaattcgc ccttcgcaga gaccaaagtt caactgaaac 60

gaattaaacg gtttattgat taacaagcaa ttacaaatta cgagtcaggt atctggtgcc 120

aatggggcga ggctctgaat acacgccatt agtgtccaca gtaaagtcca cattaacaga 180

cttgttgtag ttggaagtgt actgaatttc gggattccag cgtttgctgt tttccttctg 240

cagctcccac tcgatctcca cgctgacctg tcccgtggag tactgtgtga tgaaggaagc 300

aaactttgcc gcactgaagg tggtcgaagg attcgcaggt accggggtgt tcttgatgag 360

aatctgtgga ggagggtgtt taggtccgaa tccacccatg aggggagagg ggtgaaaatg 420

tccgtccgtg tgtggaatct ttgcccagat gggcccctga aggtacacat ctctgtcctg 480

ccagaccatg cctggaagaa cgccttgtgt gttgacatct gcggtagctg cttgtctgtt 540

gcctctctgg aggttggtag atacagaacc atactgctcc gtagccacgg gattggttgt 600

cctgatttcc tcttcgtctg taatcatgac cttttcaatg tccacatttg ttttctctga 660

gccttgcttc ccaaagatga gaaccccgct ctgaggaaaa aacttttctt cattgtcctt 720

gtggcttgcc atggccgggc ccggattcac cagagagtct ctgccattga ggtggtactt 780

ggtagctcca gtccacgagt attcactgtt gttgttatcc gcagatgtct ttgatactcg 840

ctgctggcgg taacagggtc caggaagcca gttcctagac tggtcccgaa tgtcactcgc 900

tccggcctga gaaaactgaa gccttgactg cgtggtggtt ccacttggag tgtttgttgt 960

gctcaagtaa tacaggtact ggtcgatgag aggattcatg agacggtcca gactctggct 1020

gtgagcgtag ctgctgtgga aaggaacgtc ctcaaaagtg tagctgaagg taaagttgtt 1080

tccggtacgc agcatctgag aaggaaagta ctccgggcag taaaatgaag agcgtcctac 1140

tgcctgactc ccgttgctca gggtgaggta tccatactgt ggcaccatga agacgtctgc 1200

tgggaacggc gggaggcatc cttgatgcgc cgagccgagg acgtacggga gctggtactc 1260

cgagtcagta aacacctgaa ccgtgctggt aaggttattg gcaatcgtcg tcgtaccgtc 1320

attctgcgtg acctctttga cttgaatgtt aaagagcttg aagttgagtc tcttgggtcg 1380

gaatccccag ttgttgttga tgagtctttg ccagtcacgt ggtgaaaagt ggcagtggaa 1440

tctgttgaag tcaaaatacc cccaaggggt gctgtagcca aagtagtgat tgtcgttcga 1500

ggctcctgat tggctggaaa tttgtctgta gaggtggttg ttgtaggtgg gcagggccca 1560

ggttcgggtg ctggtggtga tgactctgtc gcccatccat gtggaatcgc aatgccgatt 1620

tcccgaggaa ttacccactc cgtcggcgcc ctcgttattg tctgccattg gtgcgccact 1680

gcctgtagcc atcgtattag ttcccagacc agagggggct gctggtggct gtccgagagg 1740

ctgggggtca ggtactgagt ctgcgtctcc agtctgacca aaattcaatc tttttcttgc 1800

aggctgctgg cccgcctttc cggttcccga ggaggagtct ggctccacag gagagtgctc 1860

taccggcctc ttttttcccg gagccgtctt aacaggttcc ccaaccaggc ccagaggttc 1920

aagaaccctc tttttcgcct ggaagactgc tcgtccgagg ttgcccccaa aagacgtatc 1980

ttctttaagg cgctcctgaa actccgcgtc ggcgtggttg tacttgaggt acgggttgtc 2040

tccgctgtcg agctgccggt cgtaggcttt gtcgtgctcg agggccgcgg cgtctgcctc 2100

gttgaccggc tctcccttgt cgagtccgtt gaagggtccg aggtacttgt acccaggaag 2160

cacaagaccc ctgctgtcgt ccttatgccg ctctgcgggc tttggtggtg gtgggccagg 2220

tttgagcttc caccactgtc ttattccttc agagagagtg tcctcgagcc aatctggaag 2280

ataaccatcg gcagccatac ctgatttaaa tcatttattg ttcaaagatg cagtcatcca 2340

aatccacatt gaccagatcg caggcagtgc aagcgtctgg cacctttccc atgatatgat 2400

gaatgtagca cagtttctga tacgcctttt tgacgacaga aacgggttga gattctgaca 2460

cgggaaagca ctctaaacag tctttctgtc cgtgagtgaa gcagatattt gaattctgat 2520

tcattctctc gcattgtctg cagggaaaca gcatcagatt catgcccacg tgacgagaac 2580

atttgttttg gtacctgtct gcgtagttga tcgaagcttc cgcgtctgac gtcgatggct 2640

gcgcaactga ctcgcgcacc cgtttgggcc cacttatatc tgcgtcactg ggggcgggtc 2700

ttttcttggc tccacccttt ttgacgtaga attcatgctc cacctcaacc acgtgatcct 2760

ttgcccaccg gaaaaagtct ttgacttcct gcttggtgac cttcccaaag tcatgatcca 2820

gacggcgggt gagttcaaat ttgaacatcc ggtcttgcaa cggctgctgg tgttcgaagg 2880

tcgttgagtt cccgtcaatc acggcgcaca tgttggtgtt ggaggtgacg atcacgggag 2940

tcgggtctat ctgggccgag gacttgcatt tctggtccac gcgcaccttg cttcctccga 3000

gaatggcttt ggccgactcc acgaccttgg cggtcatctt cccctcctcc caccagatca 3060

ccatcttgtc gacacagtcg ttgaagggaa agttctcatt ggtccagttg acgcagcaag 3120

ggcgaattcg tttaaacctg caggactagt ccctttagtg aggg 3164

<210> 203

<211> 3163

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 203

accctcacta aagggactag tcctgcaggt ttaaacgaat tcgcccttgc tgcgtcaact 60

ggagcaatga gaactttccc ttcaacgact gtgtcgacaa gatggtgatt tggtgggagg 120

aggggaagat gaccgccaag gtcgtggagt cggccaaagc cattctcgga ggaagcaagg 180

tgcgcgtgga ccagaaatgc aagtcctcgg cccagataga tccgactccc gtgatcgtca 240

cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg acgggaactc aacgaccttc gaacaccagc 300

agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg aactcacccg ccgtctggat catgactttg 360

ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact ttttccggtg ggcaaaggat cacgtggttg 420

aggtggagca tggattctac gtcaaaaagg gtggagccaa gaaaagaccc gcccctagtg 480

acgcagatat aagtgagccc aaacgggtgc gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcgg 540

acgcggaagc ttcgatcaac tacgcggaca ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg 600

gcatgaatct gatgctgttt ccctgcagac aatgcgagag aatgaatcaa aattcaaata 660

tctgcttcac tcacggacag aaagactgtt tagagtgctt tcccgtgtca gaatctcaac 720

ctgtttctgt cgtcaaaaag gcgtatcaga aactgcgcta cattcatcat atcatgggaa 780

aggtgccaga cgcttgcact gcctgcgatc tggtcaatgt ggatttggat gactgcatct 840

ctgaacaata aatgatttaa atcaggtatg gctgccgatg gttatcttcc agattggctc 900

gaggacactc tctctgaagg aataagacag tggtggaagc tcaaacctgg cccaccacca 960

ccaaagcccg cagagcggca taaggacgac agcaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag 1020

tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg 1080

gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccgg cagctcgaca gcggagacaa cccgtacctc 1140

aagtacaacc acgccgacgc ggagtttcag gagcgtctta aagaagatac gtcttttggg 1200

ggcaacctcg gacgagcagt cttccaggcg aaaaagaggg ttcttgaacc tctgggcctg 1260

gttgaggaac ctgttaagac ggctccggga aaaaagaggc cggtagagca ctctcctgcg 1320

gagccagact cctcctcggg aaccggaaaa gcgggccagc agcctgcaag aaaaagactg 1380

aatttcggtc agactggaga cgcagactcc gtacctgacc cccagcctct cggacagcca 1440

ccagcagccc ccacaagttt gggatctact acaatggcta caggcagtgg cgcaccaatg 1500

gcagacaata acgagggtgc cgatggagtg ggtaattcct caggaaattg gcattgcgat 1560

tcccaatggc tgggcgacag agtcatcacc accagcaccc gaacctgggc cctgcccacc 1620

tacaacaacc acctttacaa gcaaatctcc agccaatcag gagcctcaaa cgacaaccac 1680

tactttggct acagcacccc ctgggggtat tttgacttca acagattcca ctgccacttt 1740

tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac aacaactggg gattccgacc caagagactc 1800

aacttcaagc tctttaacat tcaagtcaaa gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg 1860

attgccaata accttaccag cacggttcag gtgtttactg actcggagta ccagctcccg 1920

tacgtcctcg gctcggcgca tcaaggatgc ctcccgccgt ttccagcgga cgtcttcatg 1980

gtcccacagt atggatacct caccctgaac aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc 2040

ttttactgcc tggagtgctt tccttctcag atgctgcgta ctggaaacaa ctttcagttc 2100

agctacactt ttgaagacgt gcctttccac agcagctacg ctcacagcca gagtttggat 2160

cggctgatga atcctctgat cgaccagtac ctgtattatc taaacagaac acaaacagct 2220

agtggaactc agcagtctcg gctactgttt agccaagctg gacccacaag catgtctctt 2280

caagctaaaa actggctgcc tggaccgtgt tatcgccagc agcgtttgtc aaagcaggca 2340

aacgacaaca acaacagcaa ctttccctgg actggagcta ccaagtacca cctcaatggc 2400

agagactctt tggtgaaccc gggcccggcc atggccagcc acaaggacga tgaagaaaag 2460

tttttcccca tgcatggaac cctaatattt ggtaaagaag gaacaaatgc taccaacgcg 2520

gaattggaaa atgtcatgat tacagatgaa gaggaaatca ggaccaccaa tcccgtggct 2580

acagagcagt acggatatgt gtcaaataat ttgcaaaact caaatactgc tgcaagtact 2640

gaaactgtga atcaccaagg agcattacct ggtatggtgt ggcaggatcg agacgtgtac 2700

ctgcagggac ccatttgggc caagattcct cacaccgatg gacactttca tccttctcca 2760

ctgatgggag gttttggact caaacacccg cctcctcaga ttatgatcaa aaacactccc 2820

gttccagcca atcctcccac aaacttcagt tctgccaagt ttgcttcctt catcacacag 2880

tattccacgg gacaggtcag cgtggagatc gagtgggagc tgcagaagga gaacagcaaa 2940

cgctggaatc ccgaaattca gtacacttcc aactacaaca aatctgttaa tgtggacttt 3000

actgtggaca ctaatggtgt gtattcagag cctcgcccca ttggcaccag atacctgact 3060

cgtaatctgt aattgcttgt taatcaataa accgtttaat tcgtttcagt tgaactttgg 3120

tctctgcgaa gggcgaattc gcggccgcta aattcaattc gcc 3163

<210> 204

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 204

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Tyr Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asp Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Arg Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Gly Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Leu Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asp Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Pro Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 205

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 205

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactctac 180

aagggagagc cggtcgacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctctgggc ttggttgggg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca gtggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgaccggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg accaaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcggg gtaccagctc ccgtacgtcc tcggcttggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactta tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccacctc ctcagatcat gattaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaggac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acttccaact ataacaaacc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 206

<211> 3161

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 206

cgaattgatt tagcggccgc gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga 60

attaaacggt ttattgatta acaagcaatt acagattacg agtcaggtat ctggtgccaa 120

tggggcgagg ctctgaatac acaccattag tgtccacagt aaagtccaca ttaacagatt 180

tgttgtagtt ggaagtgtac tggatctcgg gattccagcg tttgctgttc tccttctgta 240

gctcccactc gatctccacg ctgacccgcc ccgtggaata ctgtgtgatg aaggaagcaa 300

actttgccgc actgaaggtg gtcgaaggat tcgcaggtac cggggtgttt ttgatgagaa 360

tctgtggagg agggtgttta agtccgaatc cgcccatgag gggagagggg tgaaaatgtc 420

cgtccgtgtg cggaatcttt gcccagatag gcccctgcag gtacacgtct ctgtcctgcc 480

agaccatgcc tggaagaacg ccttgtgtgt tgacatctgc agtagatgct tgtgtgttgc 540

cgctctggag gttggtagat acagaaccat actgctccgt ggccacggga ttggtggttc 600

tgatttcctc ttcgtctgta atcatgacct tttcaatgtc cacatttgtt ttctctgatc 660

cttgttttcc aaagatgaga accccgctct gaggaaaaaa cttttcttca tcgtccttgt 720

ggctggccat tgccgggccc ggattcacca gagagtctct gccattgagg tggtacttgg 780

tagctccaat ccacgagtat tcactgttgt tgttgtccgc agatgtcttt gatactcgct 840

gctggcggta acagggtcca ggaagccagt tcctagactg atcccgaatg tcactcgctc 900

cggcctgaga aaactgaagc ctggactgcg tggtggttcc gcttggagtg tttgttctgc 960

tcaagtaata caggtactgg tcgatgagag gattcatgag acggtccaaa ctctggctgt 1020

gagcgtagct gctgtggaaa ggaacatcct caaaggtgta gctgaaggta aagttgtttc 1080

cggtacgcag catctgagaa gggaagtact ccaggcagta aaatgaagag cgtcctactg 1140

cctgactccc gttgttcagg gtgaggtatc catactgtgg caccatgaag acgtctgctg 1200

ggaacggcgg gaggcatcct tgatgcgccg agccgaggac gtacgggagc tggtactccg 1260

agtcagtaaa cacctgaacc gtgctggtaa ggttattggc aatcgtcgtc gtaccatcat 1320

tctgcgtgac ctctctgact tgaatgttaa agagcttgaa gttgagtctc ttgggccgga 1380

atccccagtt gttgttgatg agtctttgcc agtcacgtgg tgaaaagtgg cagtggaatc 1440

tgttgaagtc aaaatacccc caaggggtgc tgtagccaaa gtagtggttg tcgttgctgg 1500

ctcctgattg gctggaaatc tgcttgtaca gatggttgtt gtaggtgggc agagcccagg 1560

ttcgggtgct ggtggtgatg actctgtcgc ccatccatgt ggaatcgcaa tgccaatttc 1620

ccgaggaatt acccactccg tcggcgccat cgttattgtc tgccattggt gcgccactgc 1680

ctgtagccat cgtattagtt cccagaccag agggggctgc tggtggctgt ccgagaggct 1740

gggggtcagg tacggagtct gcgtctccag tctgaccgaa attcaatctc tttcttgcag 1800

gctggttgcc cgcttttccg gttcccgagg aggagtctgg ctccacagga gagtgctcta 1860

ccggcctctt ttttcccgga gccgtcttaa caggctcctc aaccaggccc agaggttcaa 1920

gaaccctctt ttttgcctgg aagactgctc gtccgaggtt gcccccaaaa gacgtatctt 1980

ctttaaggcg ctcctgaaac tccgcgtcgg cgtggtcgta cttgaggtac gggttgtctc 2040

cgctgtcgag ctgccggtcg taggccttgt cgtgctcgag ggccgcggcg tctgcctcgt 2100

tgaccggctc tcccttgtcg agtccgttga agggtccgag gtacttgtac ccaggaagca 2160

caagacccct gctgtcgtcc ttatgccgct ctgcgggctt tggtggtggt gggccaggtt 2220

tgagcttcca ccactgtctt attccttcag agagagtgtc ctcgagccaa tctggaagat 2280

aaccatcggc agccatacct gatttaaatc atttattgtt cagagatgca gtcatccaaa 2340

tccacattga ccagatcgca ggcagtgcaa gcgtctggca cctttcccat gatatgatga 2400

atgtagcaaa gtttctgata cgccttttg acgacagaaa cgggttgaga ttctgacacg 2460

ggaaagcact ctaaacagtc tttctgtccg tgagtgaagc agatatttga attctgattc 2520
attctctcgc attgtctgca gggaaacagc atcagattca tgcccacgtg acgagaacat 2580
ttgttttggt acctgtccgc gtagttgatc gaagcttccg cgtctgacgt cgatggctgc 2640
gcaactgact cgcgcgcccg tttgggctca cttatatctg cgtcactggg ggcgggtctt 2700
ttcttggctc caccctttt gacgtagaat tcatgctcca cctcaaccac gtgatccttt 2760
gcccaccgga aaaagtcttt cacttcctgc ttggtgacct tcccaaagtc atgatccaga 2820
cggcgggtta gttcaaattt gaacatccgg tcttgcaacg gctgctggtg ttcgaaggtc 2880

gttgagttcc cgtcaatcac ggcgcacatg ttggtgttgg aggtggcgat cacgggagtc 2940
gggtctatct gggccgagga cttgcacttt tggtccacgc gcaccttgct tcctccgaga 3000
atggcttcgg ccgattccac gaccttggcg gtcatctttc cctcctccca ccagatcacc 3060
atcttgtcga cacagtcgtt gaagggaaag ttctcattgg tccagttgac gcagcaaggg 3120
cgaattcgtt taaacctgca ggaactagtc ccttagtgag g 3161

<210> 207
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 207

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Tyr Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Gly Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asp Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 208

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 208

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccgccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactctac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccgg cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctctgggc ttggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca gtggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg accaaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaatca aatagtggaa cccttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aagactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactta tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccacctc ctcagatcat gattaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca agtcagcgta 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acttccaact ataacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 209

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 209

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Cys Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 210
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 210
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctgc aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagacag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540
gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaacccccg caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcccgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaacggcag tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgcggag aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac 1260

gtgccttttc acagcagcta cgcgcatagc caaagcctgg accggctgat gaaccccctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440

ctacccgggc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca aaataacaac 1500

agcaactttg cttggaccgg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta 1560

aatcccggtg tcgctatggc aacgcacaag gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttga tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gtgaggaaga aatcaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaaac acccgcctcc tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccaactacct tcagtcaagc caagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta taacaaatct gttaatgtgg actttactgt ggacactaat 2160

ggtgtgtatt cagagcctcg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2217

<210> 211

<211> 3167

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 211

attgaattta gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat 60

taaacggttt attgattaac aagcaattac agattacgag tcaggtacct ggtgccaatg 120

gggcgaggct ctgaatacac accattagtg tccacagtaa agtccacatt aacagatttg 180

ttgtagttgg aagtgtactg aatctcggga ttccagcgtt tgctgttctc cttctgcagc 240

tcccactcga tctccacgct gacctgcccc gtggagtact gtgtaatgaa ggaagcaaac 300

tttgccgcac tgaaggtagt cgaaggattc gcaggtaccg gggtgttctt gatgagaatc 360

tgcgggggag ggtgtttaag tccgaatccg cccatgaggg gagaggggtg aaaatgtccg 420

tccgtgtgtg gaatctttgc ccagatgggc ccctgcaggt acacgtctct gtcctgccac 480

accatgcctg gaagaacgcc ttgtgtgttg acatctgagg tagctgcttg tgtgttgccg 540

ctctggaggt tggtagatac agaaccatac tgctccgtag ccacgggatt ggtggtcctg 600

atttcctctt cgtctgtaat catgaccttt tcaatgtcca cattagtttt tcccgagtct 660

tgttttccaa agatgagaac cccgctctga ggaaaaaact tttcttcatc gtccttgtgg 720

ctggccatgg ccgggcccgg attcaccaga gagtctcttc cattaaggtg gtacttggta 780

gctccagtcc acgagtattc actgttgttg ttatccgcag atgtctttga tactcgctgc 840

tggcggtaac agggtccagg aagccagttc ctagactggt cccgaatgtc acttgctccg 900

gcctgagaaa actgaagcct tgactgcgtg gtggttccgc ttggagtgtt tgttctgctc 960

aagtaataca ggtactggtc gatgagagga ttcatgagac ggtccaaact ctggctgtgg 1020

gcgtagctgc tgtggaaagg aacgtcctca aaggtgtagc tgaaggtaaa gttgtttccg 1080

gtacgcagca tctgagaagg aaagtactcc aggcagtaaa atgaagagcg tcctactgcc 1140

tgactcccgt tgttcagggt gaggtatcca tactgtggca ccatgaagac gtctgctggg 1200

aacggcggga ggcatccttg atgcgccgag ccgaggacgt acgggagctg gtactccgag 1260

tcagtaaaca cctgaaccgt gctggtaagg ttattggcaa tcgtcgtcgt accgtcattc 1320

tgcgtgacct ccttgacttg aatgttaaag agcttgaagt tgagtctttt gggccggaat 1380

ccccaattgt tgttgatgag tctttgccag tcacgtggcg aaaagtggca gtggaatctg 1440

ttgaagtcaa aataccccca aggggtgctg tagccaaagt agtggttgtc gtttgaggct 1500

cctgattggc tggaaatctg cttgtagagg tggttgttgt aggtgggcag agcccaggtg 1560

cgggtgctgg tggtgatgac tctgtcgccc atccatgtgg aatcgcaatg ccaatttccc 1620

gaggaattac ccactccgtc ggcgccctcg ttattgtctg ccattggtgc gccactgcct 1680

gtagccatcg tattagttcc cagaccagag ggggctgctg gtggctgtcc gagaggctgg 1740

gggtcaggta cggagtctgc gtctccagtc tgaccgaaat tcaatctctt tcttgcaggc 1800
tgctggcccg cttttccggt tcccgaggag gagtctggct ccgcaggaga gtgctctacc 1860
ggcctctttt ttcccggagc cgtcttaaca ggttcctcaa ccaggcccag aggttcaaga 1920
accctctttt tcgcctggaa gactgctcgt ccgaggttgc ccccaaaaga cgtatcttct 1980
ttaagacgct cctggaactc cgcgtcggcg tggttgtact tggggtacgg gttgtctccg 2040
ctgtcgagct gccggtcgta ggccttgtcg tgctcgaggg ccgcggcgtc tgcctcgttg 2100
accggctctc ccttgtcgag tccgttgaag ggtccaaggt acttgtaccc aggaagcaca 2160

agacccctgc tgtcgtcctt atgccgctct gcgggctttg gtggtggtgg gccaggtttg 2220
agcttccacc actgtcttat tccttcagag agagtgtcct cgagccaatc tggaagataa 2280
ccatcggcag ccatacctga tttaaatcat ttattgttca gagatgcagt catccaaatc 2340
cacattgacc agatcgcaag cagtgcaagc gtctggcacc tttcccatga tatgatgaat 2400
gtagcacagt ttctgatacg ccttttttgac gacagaaacg ggttgagatt ctgacacggg 2460
aaagcactct aaacagtctt tctgtccgtg agtgaagcag atatttgaat tctgattcat 2520
tctctcgcat tgtctgcagg gaaacagcat cagattcatg cccacgtgac gagaacattt 2580

gttttggtac ctgtccgcgt agttgattga agcttccgcg tctgacgtcg atggctgcgc 2640
aactgactcg cgcgcccgtt tgggctcact tatatctgcg tcactggggg cgggtctttt 2700
tttggctcca ccctttttga cgtagaattc atgctctacc tcaaccacgt gatcctttgc 2760
ccaccggaaa aagtctttga cttcctgctt ggtgaccttc ccaaagtcat gatccagacg 2820
gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc ttgcaacggc tgctggtgtt cgaaggtcgt 2880
tgagttcccg tcaatcactg cgcacatgtt ggtgttggag gtgacaatca cgggagtcgg 2940
gtctatctgg gccgaggact tgcatttctg gtccacgcgc accttgcttc ctccgagaat 3000

ggctttggcc gactccacga ccttggcggt catcttcccc tcctcccacc agatcaccat 3060
cttgtcgacg caatcattga aaggaaagtt ctcattggtc cagttgacgc agccgtagaa 3120
agggcgaatt cgtttaaacc tgcaggacta gtccctttag tgagggt 3167

<210> 212

<211> 3161

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 212

aattgaattt agcggccgcg aattcgccct tcgcagagac caaagttcaa ctgaaacgaa 60

ttaaacggtt tattgattaa caagcaatta cagattacga gtcaggtatc tggtgccaat 120

ggggcgaggc tctgaataca caccattagt gtccacagta aagtccacat taacagattt 180

gttgtagttg gaagtgtact gaatctcggg attccagcgt ttgctgttct ccttctgcag 240

ctcccactcg atctccacgc tgacctgccc cgtggagtac tgtgtaatga aggaagcaaa 300

ctttgccgca ctgaaggtag tcgaaggatt cgcaggtacc ggggtgttct tgatgagaat 360

ctgcgggggga gggtgtttaa gtccgaatcc gcccatgagg ggagaggggt gaaaatgtcc 420

gtccgtgtgt ggaatctttg cccagatggg cccctgcagg tacacgtctc tgtcctgcca 480

caccatgcct ggaagaacgc cttgtgtgtt gacatctgag gtagctgctt gtgtgttgcc 540

gctctggagg ttggtagata cagaaccata ctgctccgta gccacgggat tggtggtcct 600

gatttcctct tcgtctgtaa tcatgacctt ttcaatgtcc acattagttt ttcccgagtc 660

ttgttttcca aagatgagaa ccccgctctg aggaaaaaac ttttcttcat cgtccttgtg 720

gctggccatg gccgggcccg gattcaccag agagtctctt ccattaaggt ggtacttggt 780

agctccagtc cacgagtatt cactgttgtt gttatccgca gatgtctttg atactcgctg 840

ctggcggtaa cagggtccag gaagccagtt cctagactgg tcccgaatgt cacttgctcc 900

ggcctgagaa aactgaagcc ttgactgcgt ggtggttccg cttggagtgt ttgttctgct 960

caagtaatac aggtactggt cgacgagagg attcatgaga cggtccaaac tctggctgtg 1020

ggcgtagctg ctgtggaaag gaacgtcctc aaaggtgtag ctgaaggtaa agttgtttcc 1080

ggtacgcagc atctgagaag gaaagtactc caggcagtaa aatgaagagc gtcctactgc 1140

ctgactcccg ttgttcaggg tgaggtatcc atactgtggc accatgaaga cgtctgctgg 1200

gaacggcggg aggcatcctt gatgcgccga gccgaggacg tacgggagct ggtactccga 1260

gtcagtaaac acctgaaccg tgctggtaag gttattggca atcgtcgtcg taccgtcatt 1320

ctgcgtgacc tccttgactt gaatgttaaa gagcttgaag ttgagtcttt tgggccggga 1380

tccccaattg ttgttgatga gtctttgcca gtcacgtggc gaaaagtggc agtggaatct 1440

gttgaagtca aaataccccc aaggggtgct gtagccaaag tagtggttgt cgtttgaggc 1500

tcctgattgg ctggaaatct gcctgtagag gtggttgttg taggtgggca gagcccaggt 1560

gcgggtgctg gtggtgatga ctctgtcgcc catccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc 1620

cgaggaatta cccactccgt cggcgccctc gttattgtct gccattggtg cgccactgcc 1680

tgtagccatc gtattagttc ccagaccaga gggggctgct ggtggctgtc cgagaggctg 1740

ggggtcaggt acggagtctg cgtctccagt ctgaccgaaa ttcaatctcc ttcttgcagg 1800

ctgctggccc gcttttccgg ttcccgagga ggagtctggc tccgcaagag agtgctctac 1860

cggcctcttt tttcccggag ccgtcttaac aggttcctca accaggccca gaggttcaag 1920

aaccctcttt ttcgcctgga agactgctcg tccgaggttg cccccaaaag acgtatcttc 1980

tttaagacgc tcctggaact ccgcgtcggc gtggttgtac ttgaggtacg ggttgtctcc 2040

gccgtcgagc tgccggtcgt aggccttgtc gtgctcgagg gccgcggcgt ctgcctcgtt 2100

gaccggctct cccttgtcga gtccgttgaa gggtccaagg tacttgtacc caggaagcac 2160

aagacccctg ctgtcgtcct tatgccgctc tgcgggcttt ggtggtggtg ggccaggttt 2220

gagcttccac cactgtctta ttccttcaga gagagtgtcc tcgagccaat ctggaagata 2280

accatcggca gccatacctg atttaaatca tttattgttc agagatgcag tcatccaaat 2340

ccacattgac cagatcgcaa gcagtgcaag cgtctggcac ctttcccatg atatgatgaa 2400

tgtagcacag tttctgatac gccttttga cgacagaaac gggttgagat tctgacacgg 2460

gaaagcactc taaacagtct ttctgtccgt gagtgaagca gatatttgaa ttctgattca 2520

ttctctcgca ttgtctgcag ggaaacagca tcagattcat gcccacgtga cgagaacatt 2580

tgttttggta cctgtccgcg tagttgattg aagcttccgc gtctgacgtc gatggctgcg 2640

caactgactc gcgcgcccgt ttgggctcac ttatatctgc gtcactgggg gcgggtcttt 2700

ttttggctcc acccttttg acgtagaatt catgctctac ctcaaccacg tgatcctttg 2760

cccaccggaa aaagtctttg acttcctgct tggtgacctt cccaaagtca tgatccagac 2820

ggcgggtgag ttcaaatttg aacatccggt cttgcaacgg ctgctggtgt tcgaaggtcg 2880

ttgagttccc gtcaatcact gcgcacatgt tggtgttgga ggtgacaatc acgggagtcg 2940

ggtctatctg ggccgaggac ttgcatttct ggtccacgcg caccttgctt cctccgagaa 3000

tggctttggc cgactccacg accttggcgg tcatcttccc ctcctcccac cagatcacca 3060

tcttgtcgac gcaatcattg aaaggaaagt tctcattggt ccagttgacg cagcaagggc 3120

gaattcgttt aaacctgcag gactagtccc tttagtgagg g 3161

<210> 213

<211> 3172

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 213

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cccttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtccgccaa ggccattctg ggtggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 180

tgcaagtcat cggcccagat cgaccccacg cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga tcgacgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcccct gcaggaccgc 300

atgttcaagt tcgagctcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gaccaagcag 360

gaagtcaaag agttcttccg ctgggctcag gatcacgtga ctgaggtggc gcatgagttc 420

tacgtcagaa agggcggagc caccaaaaga cccgccccca gtgacgcgga tataagcgag 480

cccaagcggg cctgcccctc agttgcggag ccatcgacgt cagacgcgga agcaccggtg 540

gactttgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg 600

tttccctgca agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acgtctgctt cacgcacggg 660

gtcagagact gctcagagtg cttccccggc gcgtcggaat ctcaacccgt cgtcagaaaa 720

aagacgtatc agaaactgtg cgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgcg 780

tgttcggcct gcgatctcgt caacgtggac ttggatgact gtgtttctga gcaataaatg 840

acttaaacca ggtatggctg ctgacggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc 900

tgagggcatt cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc cccaagccca aggccaacca 960

gcagaagcag gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt 1020

caacggactc gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga 1080

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 1140

cgacgccgag tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 1200

agcagtcttc caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaagctgc 1260

taagacggct cctggaaaga agagaccggt agaaccgtca cctcagcgtt cccccgactc 1320

ctccgcgggc atcggcaaga aaggccagca gcccgctaaa aagagactga actttggtca 1380

gactggcgac tcagagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc 1440

ctctggtctg ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa 1500

cgaaggcgcc gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct 1560

gggcgacaga gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca 1620

cctctacaag caaatatcca atgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt 1680

cggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc 1740

acgtgactgg cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggccaaaaa gactcagctt 1800

caagctcttc aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcaccg agaccatcgc 1860

caataacctt accagcacga ttcaggtatt tacggactcg gaataccagc tgccgtacgt 1920
cctcggctcc gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc 1980
ccagtacggc taccttacac tgaacaatgg aagtcaagcc gtaggccgtt cctccttcta 2040
ctgcctggaa tattttccat ctcaaatgct gcgaactgga aacaattttg aattcagcta 2100
caccttcgag gacgtgcctt tccacagcag ctgcgcacac agccagagct cggaccgact 2160
gatgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ctacttatcc agaactcggt ccacaggagg 2220
aactcaaggt acccagcaat tgttattttc tcaagctggg cctgcaaaca tgtcggctca 2280

ggctaagaac tggctacctg gaccttgcta ccggcagcag cgagtctcta cgacactgtc 2340
gcaaaacaac aacagcaact ttgcttggac tggtgccacc aaatatcacc tgaacggaag 2400
agactctttg gtaaatcccg gtgtcgccat ggcaacccac aaggacgacg aggaacgctt 2460
cttcccgtcg agtggagtcc tgatgtttgg aaaacagggt gctggaagag acaatgtgga 2520
ctacagcagc gttatgctaa ccagcgaaga agaaattaaa accactaacc ctgtagccac 2580
agaacaatac ggtgtggtgg ctgacaactt gcagcaaacc aatacagggc ctattgtggg 2640
aaatgtcaac agccaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccgag acgtgtacct 2700

gcagggtccc atctgggcca agattcctca cacggacggc aacttccacc cttcaccgct 2760
aatgggagga tttggactga agcacccacc tcctcagatc ctgatcaaga acacgccggt 2820
acctgcggat cctccaacaa cgttcagcca ggcgaaattg gcttccttca ttacgcagta 2880
cagcaccgga caggtcagcg tggaaatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2940
ctggaaccca gagattcagt acacttcaaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc 3000
tgtcaataca gagggaactt attctgagcc tcgccccatt ggtactcgtt acctcacccg 3060
taatctgtaa ttgctggtta atcaataaac cgtttgattc gtttcagttg aactttggtc 3120

tctgcgaagg gcgaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gg 3172

<210> 214
<211> 3172
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 214

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cccttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtccgccaa ggccattctg ggtggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 180

tgcaagtcat cggcccagat cgaccccacg cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga tcggcgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcccct gcaggaccgc 300

atgttcaagt tcgagctcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gaccaagcag 360

gaagtcaaag agttcttccg ctgggctcag gatcacgtga ctgaggtggc gcatgagttc 420

tacgtcagaa agggcggagc caccaaaaga cccgccccca gtgacgcgga tataagcgag 480

cccaagcggg cctgcccctc agttgcggag ccatcgacgt cagacgcgga agcaccggtg 540

gactttgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg 600

tttccctgca agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acgtctgctt cacgcacggg 660

gtcagagact gctcagagtg cctccccggc gcgtcagaat ctcaacccgt cgtcagaaaa 720

aagacgtatc agaaactgtg cgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgcg 780

tgttcggcct gcgatctcgt caacgtggac ttggatgact gtgtttctga gcaataaatg 840

acttaaacca ggtatggctg ctgacggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc 900

tgagggcatt cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc cccaagccca aggccaacca 960

gcagaagcag gacgacggcc ggggtctggt gcttcttggc tacaagtacc tcggaccctt 1020

caacggactc gacaaggggg agcccgtcaa tgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga 1080

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 1140

cgacgccgag tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 1200

agcagtcttc caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaagctgc 1260

taagacggct cctggaaaga agagaccggt agaaccgtca cctcagcgtt cccccgactc 1320

ctccacgggc atcggcaaga aaggccagca gcccgctaaa aagagactga actttggtca 1380

gactggcgac tcagagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc 1440

ctctggtctg ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa 1500

cgaaggcgcc gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct 1560

gggcgacaga gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca 1620

cctctacaag caaatatcca atgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt 1680

cggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc 1740

acgtgactgg cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggccaaaaa gactcagctt 1800

caagctcttc aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc 1860

caataacctt accagcacga ttcaggtatt tacggactcg gaataccagc tgccgtacgt 1920

cctcggctcc gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc 1980
ccagtacggc taccttacac tgaacaatgg aagtcaagcc gtaggccgtt cctccttcta 2040
ctgcctggaa tattttccat ctcaaatgct gcgaactgga aacaattttg aattcagcta 2100
caccttcgag gacgtgcctt tccacagcgg ctacgcacac agccagagct tggaccgact 2160
gatgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ctacttatcc agaactcagt ccacaggagg 2220
aactcaaggt acccagcaat tgttattttc tcaagctggg cctgcaaaca tgtcggctca 2280
ggctaagaac tggctacctg gaccttgcta ccggcagcag cgagtctcta cgacactgtc 2340

gcaaaacaac aacagcaact ttgcttggac tggtgccacc aaatatcacc tgaacggaag 2400
agactctttg gtaaatcccg gtgtcgccat ggcaacccac aaggacgacg aggaacgctt 2460
cttcccgtcg agtggagtcc tgatgtttgg aaaacagggt gctggaagag acaatgtgga 2520
ctacagcagc gttatgctaa ccagcgaaga agaaattaaa accactaacc ctgtagccac 2580
agaacaatac ggtgtggtgg ctgacaactt gcagcaaacc aatacagggc ctattgtggg 2640
aaatgtcaac agccaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccgag acgtgtacct 2700
gcagggtccc atctgggcca agattcctca cacggacggc aacttccacc cttcaccgct 2760

aatgggagga tttggactga agcacccacc tcctcagatc ctgatcaaga acacgccggt 2820
acctgcggat cctccaacga cgttcagcca ggcgaaattg gcttccttca ttacgcagta 2880
cagcaccgga caggtcagcg tggaaatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2940
ctggaaccca gagattcagt acacttcaaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc 3000
tgtcaataca gagggaactt attctgagcc tcgccccatt ggtactcgtt acctcacccg 3060
taatctgtaa ttgctggtta atcaataaac cgtttgattc gtttcagttg aactttggtc 3120
tctgcgaagg gcgaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gg 3172

<210> 215
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 215
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg aaagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc gagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg cttcaggcag tggcgcacca gtggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacagct ggggattccg acccaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta ccgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttt atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcccttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctgc tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctatatt atctgaacaa gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca cggacgggca ctttcatcct tctccactaa tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcctacaaac 1980

ttcagttctt ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ccgactcgta atctgtaa 2208

<210> 216

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 216

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Glu Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Ser Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Leu Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ser Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Pro Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 217

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 217

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggagaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gccagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggtattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctcg tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 218

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 218

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Glu Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp Tyr Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Val Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 219

<211> 2209

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 219

atggctgccg atggttatcc tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga agggataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcggcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatcg ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaat 2209

<210> 220

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 220

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Pro Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Arg Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn Arg Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 221

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 221

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgtcga cgcggagttt 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa ggcggctccg 420
ggagaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780
tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840
cattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260
catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctccccca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg cgccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 222

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 222

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Val
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Ala Ala Pro Gly Glu Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly His Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Pro Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Ala Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 223

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 223

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ccctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga taacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagagga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccggcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 224

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 224

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Arg Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 225

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 225

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaaggaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcgg cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagacgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 226

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 226

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Gly Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Thr Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 227

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 227

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctgcaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ttttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

acctacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc gggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 228

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 228

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Cys Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Tyr Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Arg Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 229

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 229

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ccctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga taacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagagga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccggcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 230

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 230

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Arg Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 231

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 231

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

ggcagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctca acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga gaccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accacaagca ctcgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactattttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct ccctttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagat gtgtaccttc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagattat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcctacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacaataa tggcgtgtac 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 232

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 232

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Gly Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asn Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Pro Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 233

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 233

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 234

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 234

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 235
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 235
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780
tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tatttcgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcggg gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgccttccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacgg ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacgtt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

gtctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gcggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgt ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 236

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 236

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Gly Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Gly Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Val Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Val Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Ala Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Val Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 237

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 237

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga aactcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttctgga acctctgagc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctccc gcagagccag attcctcctc cggaactgga 480

aagtcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agactcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaata 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaat cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctagagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt caggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gtcagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctt 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggata ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtcgggca agacagagac gtgtacctgc aggggcctac ttgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 238

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 238

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Ser Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Gln Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Gly Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Thr Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 239

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 239

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttctgga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcagagccag attcctcctc cggaactgga 480

aagtcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agactcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaata 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaat cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctagggta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gtcagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctt 1620

atctttggga agcaaggccc agagaaaaca aatgtggata ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca agacagagac gtgtacctgc aggggcctat ttgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 240

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 240

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Gly Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Pro Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 241

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 241

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Pro Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 242

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 242

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Pro Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 243
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 243

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgcgg cctggtttga ggaaacctgt taagacggct 420

ccgggaaaaa agaggccggt agagcactct cctgtggagc cagactcctc ctcgggaacc 480

ggaaaagcgg gccagcagcc tgcaagaaaa agattaaatt ttggtcagac tggagacgca 540

gactccgtac ctgaccccca gcctctcgga cagccaccag cagccccctc tggtctggga 600

tctactacaa tggctacagg cagtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctgga cgacagagtc 720

atcgccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacataca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ctgcaacgac aaccactact ttggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacagca actggggatt ccggcccaaa agactcaact tcaagctctt taatattcaa 960

gtcaaagagg tcacgcagaa tgacggtacg acgacgattg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaggtgt ttactgactc ggagtaccag ctcccgtacg tcccgggctc ggcgcatcaa 1080

ggatgcctcc cgccgtttcc agcggacgtc ttcatggtcc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc ggtaggacgc tcttcctttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtactgg aaacaacttt cagttcagct acacttttga agacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgctca ctgccagagt ctggatcggc tgatgaatcc tctgatcgac 1320

cagtacctgt attatctgaa caagacacaa acaaatagtg gaactcttca gcagtctcgg 1380

ctactgttta gccaagctgg accaaccaac atgtctcttc aagctaaaaa ctggctgcct 1440

ggaccttgct acagacagca gcgtctgtca aaacaggcaa acgacaataa caactgcaac 1500

tttccctgga ctgcagctac aaagtatcat ctaaatggcc gggactcgtt ggttaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggatgac gaagaaaagt ttttccccat gcatggaacc 1620

ctgatatttg gtaaacaagg aacaaatgcc aacgacgcgg atttggaaaa tgtcatgatt 1680

acagatgaag aagaaatcag gcccaccaat cccgtggcta cggagcagta cgggactgtg 1740

tcaaataatt tgcaaaactc aaacactggt ccaactacag gaactgtcaa tcaccaagga 1800

gcgttacctg gtatggtgtg gcaggatcga gacgtgtacc tgcagggacc catttgggcc 1860

aagattcctc acaccgatgg acactttcat ccttctccac tgatgggagg ttttggactc 1920

aaacacccgc ctcctcagat catgatcaaa agcactcccg ttccagccaa tcctcccaca 1980

aacttcagtt ctgccaagtt tgcttcttcc atcacacagt attccacggg acaggtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggag aacagcaaac gctggaatcc cgaaattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtggacac taatggtgtg 2160

tattcagagc ctcgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 244

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 244

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Arg Pro Gly Leu Arg Lys Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys

130 135 140

Arg Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr

145 150 155 160

Gly Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Asp Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Ala Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Cys Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Ser Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Cys Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys
435 440 445
Thr Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Cys Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr
580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Ser Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Ser Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 245

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 245

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagagga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttctgga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcagagccag attcctcctc cggaactgga 480

aagtcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agactcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaata 780
tccagccagt ctggagccag caacgacaat cactactttg gctacagcac cccctggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctagagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa cagctttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gtcagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagttct ttcctcagag cggggttctt 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggata ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca agacagagac gtgtacctgc aggggcctat ttgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 246

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 246

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 247

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 247

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 248

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 248

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ser Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Gly Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Ser Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 249

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 249

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtt cacagcccgc taaaaagaaa ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtccccg accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atgggagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gcgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc taatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gctttcaata aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagattg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 250

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 250

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ser Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 251

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 251

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtacttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cggcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 252

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 252

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Gly Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 253

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 253

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtacttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacgaga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 254

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 254

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Glu Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 255

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 255

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtacttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtaccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 256

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 256

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 257

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 257

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtactcga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagc aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc cgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 258

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 258

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Ala Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 259

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 259

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 260

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 260

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgttcggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccccg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 261

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 261

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Cys His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735
Asn Leu

<210> 262

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 262

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Arg
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Leu Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Ala Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Pro Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Arg Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Thr Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Ala Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Ala Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 263

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 263

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcggac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtt 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt atcttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcgcc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagccgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctcg ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ctgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatcg cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgcgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 264

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 264

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcgtc 900

aacaacaacc ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 265

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 265

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Asn Arg
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 266

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 266

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Ser Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Ser Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 267

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 267

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgagct ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattctgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 268

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 268

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Pro Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Pro Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Val Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 269

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 269

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tacaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ccggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgccacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccgtcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgttg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 270

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 270

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Ser Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Leu

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 271

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 271

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aagcaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggactt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 272

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 272

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Pro Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Val Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro
580 585 590
Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Ser Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly
705 710 715 720
Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735

Leu

<210> 273
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 273

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Ser Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 274

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 274

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ccgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgcctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccttg cccacctaca ataaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacaacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acggttcaag tcttctcgga ctcggagtac cagcttccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctctccaca gcagctacgc gcacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctctcatc 1320

gtccaatacc tgtattacct gaacagaact caaaatcagt ccggaagtgc ccaaaacaag 1380

gacttgctgt tcagccgtgg gtctccagct ggcatgtctg ttcagcccaa aaactggcta 1440

cctggaccct gttatcggca gcagcgcgtt tctaaaacaa aaacagacaa caacaacagc 1500

aattttacct ggactggtgc ttcaaaatat aacctcaatg ggcgtgaatc catcatcaac 1560

cctggcactg ctatggcctc acacaaagac gacgaagaca agttctttcc catgagcggt 1620

gtcatgattt ttggaaaaga gagcgccgga gcttcaaaca ctgcattgga caatgtcatg 1680

attacagacg aagaggaaat taaagccact aaccctgtgg ccaccgaaag atttgggacc 1740

gtggcagtca atttccagag cagcagcaca gaccctgcga ccggagatgt gcatgctatg 1800

ggagcattac ctggcatggt gtggcaagat agagacgtgt acctgcaggg tcccatttgg 1860

gccaaaattc ctcacacaga tggacacttt cacccgtctc ctcttatggg cggctttgga 1920

ctcaagaacc cgcctcctca gatcctcatc aaaaacacgc ctgttcctgc gaatcctccg 1980

gcggagtttt cagctacaaa gtttgcttca ttcatcaccc aatactccac aggacaagtg 2040

agtgtggaaa ttgaatggga gctgcagaaa gaaaacagca agcgctggaa tcccgaagtg 2100

cagtacacat ccaattatgc aaaatctgcc agcgttgatt ttactgtgga caacaatgga 2160

ctttatactg agcctcgccc cattggcacc cgttacctta cccgtcccct gtaa 2214

<210> 275

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 275

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Pro Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 276

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 276

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcagacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctga gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagggccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc actttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacccgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaaggtaga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 277

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 277

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Pro Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 278

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 278

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 279

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 279

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

```
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
            260                 265                 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
        275                 280                 285
```

```
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
    290                 295                 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305                 310                 315                 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
                325                 330                 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
            340                 345                 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
        355                 360                 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
    370                 375                 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385                 390                 395                 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
                405                 410                 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
            420                 425                 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
        435                 440                 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
    450                 455                 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
```

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 280

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 280

atggctgccg atggctatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatagggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcggg gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata ccccaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccgtgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 281
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 281

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Gly Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Pro Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Val Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 282
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"
<400> 282
atggctgccg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgggc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actccccctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcactgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggccgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctctt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ctccacagca gctgcgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacagggac 1380

ttgctgttca gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccgcagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 283

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 283

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Pro Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Arg Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Ser Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Cys Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Arg Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Ala Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 284

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 284

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Cys Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Arg Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 285

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 285

atggctgccg atggctatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatagggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgggg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacagt cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctc 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacaatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 286

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 286

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1               5                  10                  15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
            20                  25                  30
Lys Pro Ala Glu Arg His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
```

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Ser His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asn Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 287

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 287

Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu
1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys
20 25 30

Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu
35 40 45

Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu
50 55 60

Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr
65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His
85 90 95

Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly
100 105 110

Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu
115 120 125

Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys
130 135 140

Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Gly Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Glu Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe
450 455 460
Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro
580 585 590
Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 288

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 288

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Gly Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Glu Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 289

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 289

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtactt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacgg caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcgaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaacacaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcaccgctg tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaagcactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 290

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 290

Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu
1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys
20 25 30

Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu
35 40 45

Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu
50 55 60

Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr
65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His
85 90 95

Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly
100 105 110

Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu
115 120 125

Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys
130 135 140

Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Glu Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn
435 440 445
Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe
450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 291
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 291
Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu
1 5 10 15
Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys
20 25 30
Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu
35 40 45
Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu
50 55 60
Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr
65 70 75 80
Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His
85 90 95
Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly
100 105 110
Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu
115 120 125
Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys
130 135 140
Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 292

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 292

Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu

1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys

20 25 30

Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu

35 40 45

Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu

50 55 60

Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr

65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His

85 90 95

Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly
100 105 110
Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu
115 120 125
Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys
130 135 140
Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn
435 440 445
Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe
450 455 460
Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Asn Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 293

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 293

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcaaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcgggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agtacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaacagga 480

aaagcgggcc agcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaag ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accatctgta caagcagatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc ccggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga tgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcaaag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcagaac caccaatccc gtggccacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctactgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgcacctgc aggggcctat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcaaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacagggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 294

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 294

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Lys Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Gly Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu Tyr Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Ser Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val His Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 295

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 295

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcgcaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 296

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 296

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Arg Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 297

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 297

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgggg aacctgtcaa gacggctcca 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcggct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacaatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtacgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 298

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 298

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Gly Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asn Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 299

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 299

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgggg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa tcggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta cagacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

agcaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcccggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacaatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacctaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atttgtaa 2208

<210> 300

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 300

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Arg His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Arg Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Pro Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asn Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Pro Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 301

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 301

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ctgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcagacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accaccttta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctaaacag aacacaaaca gctagtggaa ctcagcagtc tcggctactg 1380

tttagccaag ctggacccac aagcatgtct cttcaagcta aaaactggct gcctggaccg 1440

tgttatcgcc agcagcgttt gtcaaagcag gcaaacgaca acaacaacag caactttccc 1500

tggactggag ctaccaagta ctacctcaat ggcagagact ctttggtgaa cccgggcccg 1560

gccatggcca gccacaagga cgatgaagaa aagtttttcc ccatgcatgg aaccctaata 1620

tttggtaaag aaggaacaaa tgctaccaac gcggaattgg aaaatgtcat gattacagat 1680

gaagaggaaa tcaggaccac caatcccgtg gctacagagc agtacggata tgtgtcaaat 1740

aatttgcaaa actcaaatac tgctgcaagt actgaaactg tgaatcacca aggagcatta 1800

cctggtatgg tgtggcagga tcgagacgtg tacctgcagg gacccatttg ggccaagatt 1860

cctcacaccg atggacactt tcatccttct ccactgatgg gaggttttgg actcaaacac 1920

ccgcctcctc agattatgat caaaaacact cccgttccag ccaatcctcc cacaaacttc 1980

agttctgcca agtttgcttc cttcatcaca cagtattcca cgggacaggt cagcgtggag 2040

atcgagtggg agctgcagaa ggagaacagc aaacgctgga atcccgaaat tcagtacact 2100

tccaactaca acaaatctgt taatgtggac tttactgtgg acactaatgg tgtgtattca 2160

gagcctcgcc ccattggcac cagatacctg actcgtaatc tgtaa 2205

<210> 302

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 302

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Arg Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala
450 455 460
Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro
465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn

485 490 495

Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly Arg

500 505 510

Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp

515 520 525

Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu

530 535 540

Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly

565 570 575

Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu

580 585 590

Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 303

<211> 3160

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 303

accttcact aaagggacta gtcctgcagg tttaaacgaa ttcgcccttg ctgcgtcaac 60

tggaccaatg agaactttcc cttcaacgac tgtgtcgaca agatggtgat ttggtgggag 120

gaggggaaga tgaccgccaa ggtcgtggag tcggccaaag ccattctcgg aggaagcaag 180

gtgcgcgtgg accagaaatg caagtcctcg gcccagatag atccgactcc cgtgatcgtc 240

acctccaaca ccaacatgtg cgccgtgatt gacgggaact caacgacctt cgaacaccag 300

cagccgttgc aagaccggat gttcaaattt gaactcaccc gccgtctgga tcatgacttt 360

gggaaggtca ccaagcggga agtcaaagac tttttccggt gggcaaagga tcacgtggtt 420

gaggtggagc atgaattcta cgtcaaaaag ggtggagcca agaaaagacc cgcccctagt 480

gacgcagata taagtgagcc caaacgggtg cgcgagtcag ttgcgcagcc atcgacgtca 540

gacgcggaag cttcgatcaa ctacgcggac aggtaccaaa acaaatgttc tcgtcacgtg 600

ggcatgaatc tgatgctgtt tccctgcaga caatgcgaga gaatgaatca aaattcaaat 660

atctgcttca ctcacggaca gaaagactgt ttagagtgct ttcccgtgtc agaatctcaa 720

cctgtttctg tcgtcaaaaa ggcgtatcag aaactgtgct acattcatca tatcatggga 780

aaggtgccag acgcttgcac tgcctgcgat ctggtcaatg tggatttgga tgactgcatc 840

tctgaacaat aaatgattta aatcaggtat ggctgccgat ggttatcttc cagattggct 900

cgaggacact ctctctgaag gaataagaca gtggtggaag ctcaaacctg gcccaccacc 960

accaaagccc gcagagcggc ataaggacga cagcaggggt cttgtgcttc ctgggtacaa 1020

gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa gggagagccg gtcaacgagg cagacgccgc 1080

ggccctcgag cacgacaagg cctacgaccg gcagctcgac agcggagaca acccgtacct 1140

caagtacaac cacgccgacg cggagtttca ggagcgtctt aaagaagata cgtcttttgg 1200

gggcaacctc ggacgagcag tcttccaggc gaaaaagagg gttcttgaac ctctgggcct 1260

ggttgaggaa cctgttaaga cggctccggg aaaaaagagg ccggtagagc actctcctgc 1320

ggagccagac tcctcctcgg gaaccggaaa agcgggccag cagcctgcaa gaaaaagact 1380

gaatttcggt cagactggag acgcagactc cgtacctgac ccccagcctc tcagacagcc 1440

accagcagcc cccacaagtt tgggatctac tacaatggct acaggcagtg gcgcaccaat 1500

ggcagacaat aacgagggtg ccgatggagt gggtaattcc tcaggaaatt ggcattgcga 1560

ttcccaatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc cgaacctggg ccctgcccac 1620

ctacaacaac cacctttaca agcaaatctc cagccaatca ggagcctcaa acgacaacca 1680

ctactttggc tacagcaccc cctgggggta ttttgacttc aacagattcc actgccactt 1740

ttcaccacgt gactggcaaa gactcatcaa caacaactgg ggattccgac ccaagagact 1800

caacttcaag ctctttaaca ttcaagtcaa agaggtcacg cagaatgacg gtacgacgac 1860

gattgccaat aaccttacca gcacggttca ggtgtttact gactcggagt accagctccc 1920

gtacgtcctc ggctcggcgc atcaaggatg cctcccgccg tttccagcgg acgtcttcat 1980

ggtcccacag tatggatacc tcaccctgaa caacgggagt caggcggtag gacgctcttc 2040

cttttactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgcgt actggaaaca actttcagtt 2100

cagctacact tttgaagacg tgcctttcca cagcagctac gctcacagcc agagtttgga 2160

tcggctgatg aatcctctga tcgaccagta cctgtattat ctaaacagaa cacaaacagc 2220

tagtggaact cagcagtctc ggctactgtt tagccaagct ggacccacaa gcatgtctct 2280

tcaagctaaa aactggctgc ctggaccgtg ttatcgccag cagcgtttgt caaagcaggc 2340

aaacgacaac aacaacagca actttccctg gactggagct accaagtact acctcaatgg 2400

cagagactct ttggtgaacc cgggcccggc catggccagc cacaaggacg atgaagaaaa 2460

gtttttcccc atgcatggaa ccctaatatt tggtaaagaa ggaacaaatg ctaccaacgc 2520

ggaattggaa aatgtcatga ttacagatga agaggaaatc aggaccacca atcccgtggc 2580

tacagagcag tacggatatg tgtcaaataa tttgcaaaac tcaaatactg ctgcaagtac 2640

tgaaactgtg aatcaccaag gagcattacc tggtatggtg tggcaggatc gagacgtgta 2700

cctgcaggga cccatttggg ccaagattcc tcacaccgat ggacactttc atccttctcc 2760

actgatggga ggttttggac tcaaacaccc gcctcctcag attatgatca aaaacactcc 2820

cgttccagcc aatcctccca caaacttcag ttctgccaag tttgcttcct tcatcacaca 2880

gtattccacg ggacaggtca gcgtggagat cgagtgggag ctgcagaagg agaacagcaa 2940

acgctggaat cccgaaattc agtacacttc caactacaac aaatctgtta atgtggactt 3000

tactgtggac actaatggtg tgtattcaga gcctcgcccc attggcacca gatacctgac 3060

tcgtaatctg taattgcttg ttaatcaata aaccgtttaa ttcgtttcag ttgaactttg 3120

gtctctgcga agggcgaatt cgcggccgct aaatcaatcg 3160

<210> 304

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 304

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys Arg Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Gly Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala
450 455 460
Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro
465 470 475 480
Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn
485 490 495

Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Gly
500 505 510
Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525
Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu
530 535 540
Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp
545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly
565 570 575
Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu
580 585 590
Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Arg Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp
610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 305

<211> 3157

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 305

ctcactaagg gactagtcct gcaggtttaa acgaattcgc ccttgctgcg tcaactggac 60

caatgagaac tttcccttca acgactgtgt cgacaagatg gtgatttggt gggaggaggg 120

gaagatgacc gccaaggtcg tggagtcggc caaagccact ctcggaggaa gcaaggtgcg 180

cgtggaccag aaacgcaagt cctcggccca gatagatccg actcccgtga tcgtcacctc 240

caacaccaac atgtgcgccg tgattgacgg gaactcaacg accttcgaac accagcagcc 300

gttgcaagac cgaatgttca aatttgaact cacccgccgt ctggatcatg acttcgggaa 360

ggtcaccaag caggaagtca aagacttttt ccggtgggca aaggatcacg tggttgaggt 420

ggagcatgaa ttctacgtca aaaagggtgg agccaagaaa agacccgccc ctagtgacgc 480

agatataagt gagcccaaac gggtgcgcga gtcagttgcg cagccatcga cgtcagacgc 540

ggaagcttcg atcaactacg cggacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc acgtgggcat 600

gaatctgatg ctgtttccct gcagacaatg cgagagaatg aatcaaaatt caaatatctg 660

cttcactcac ggacagaaag actgtttaga gtgctttccc gtgtcagaat ctcaacctgt 720

ttctgtcgtc aaaaaggcgt atcagaaact gtgctacatt catcatatca tgggaaaggt 780

gccagacgct tgcactgcct gcgatctggt caatgtggat ttggatgact gcatctctga 840

acaataaatg atttaaatca ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg 900

acactctctc tgaaggaata agacagtggt ggaagctcaa acctggccca ccaccaccaa 960

agcccgcaga gcggcataag gacgacagca ggggtcttgt gcttcctggg tacaagtacc 1020

tcggaccctt caacggactc gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggctc 1080

tcgagcacga caaggcctac gaccggcagc tcgacagcgg agacaacccg tacctcaagt 1140

acaaccacgc cgacgcggag tttcaggagc gtcttaaaga agatacgtct tttgggggca 1200

acctcggacg agcagtcttc caggcgaaaa agagggttct tgaacctctg ggcctggttg 1260

aggaacctgt taagacggct ccgggaaaaa agaggccggt agagcactct cctgcggagc 1320

cagactcctc ctcgggaacc ggaaaagcgg gccagcagcc tgcaagaaaa agactgaatt 1380

tcggtcagac tggagacgca gactccgtac ctgaccccca gcctctcgga cagccaccag 1440

cagcccccac aagtttggga tctactacaa tggctacagg cagtggcgca ccaatggcag 1500

acaataacga gggtgccgat ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc 1560

aatggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca 1620

acaaccacct ttacaagcaa atctccagcc aatcaggagc ctcaaacgac aaccactact 1680

ttggctacag cacccccctgg gggtattttg acttcaacag attccactgc cgcttttcac 1740

cacgtgactg gcaaagactc atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact 1800

tcaagctctt taacattcaa gtcaaagagg tcacgcagaa tgacggtacg acgacgattg 1860

ccaataacct taccagcacg gttcaggtgt ttactgactc ggagtaccag ctcccgtacg 1920

tcctcggctc ggcgcatcaa ggatgcctcc cgccgtttcc agcggacgtc ttcatggtcc 1980

cacagtatgg atacctcacc ctgaacaacg ggagtcaggc ggtaggacgc tcttcctttt 2040

actgcctgga gtactttcct tctcagatgc tgcgtactgg aaacaacttt cagttcagct 2100

acacttttga agacgtgcct ttccacagca gctacgctca cagccagggt ttggatcggc 2160

tgatgaatcc tctgatcgac cagtacctgt attatctaaa cagaacacaa acagctagtg 2220

gaactcagca gtctcggcta ctgtttagcc aagctggacc cacaagcatg tctcttcaag 2280

ctaaaaactg gctgcctgga ccgtgttatc gccagcagcg tttgtcaaag caggcaaacg 2340

acaacaacaa cagcaacttt ccctggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcggag 2400

actctttggt gaacccgggc ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt 2460

tccccatgca tggaacccta atatttggta aagaaggaac aaatgctacc aacgcggaat 2520

tggaaaatgt catgattaca gatgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacag 2580

agcagtacgg atatgtgtca aataatttgc aaaactcaaa tactgctgca agtactgaaa 2640

ctgtgaatca ccaaggagca ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc 2700

ggggacccat ttgggccaag attcctcacg ccgatggaca ctttcatcct tctccactga 2760

tgggaggttt tggactcaaa cacccgcctc ctcagattat gatcaaaaac actcccgttc 2820

cagccaatcc tcccacaaac ttcagttctg ccaagtttgc ttccttcatc acacagtatt 2880

ccacgggaca ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct 2940

ggaatcccga aattcagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg 3000

tggacactaa tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta 3060

atctgtaatt gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc 3120

tgcgaagggc gaattcgcgg ccgctaaatt caattcg 3157

<210> 306

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 306

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Cys Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala

450 455 460

Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro

465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn

485 490 495

Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg

500 505 510

Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp

515 520 525

Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu

530 535 540

Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly

565 570 575

Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu

580 585 590

Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 307

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 307

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctggatac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcat ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcgtc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcagatt 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcgccac gcgactggca gagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctgtttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgacttgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gcaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag tcaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccactacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcaaag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaaa 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct cattaagaat accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagcgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggggtgtat 2160

tcagagcctc gccctattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 308

<211> 3159

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 308

gattgattta gcggccgcga attcgccctt gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 60

ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga tctggtggga ggagggaaag atgaccgcca 120

aggtcgtgga gtcggccaaa gccattctcg gaggaagcaa ggtgcgtgtg gaccaaaagt 180

gcaagtcttc ggcccagatc gacccgactc ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt 240

gcgccgtgat tgatggaaac tcaacgacct tcgagcacca gcagccgttg caagaccgga 300

tgttcaaatt tgaacttacc cgccgtctgg atcatgactt tggaaaggtc accaagcagg 360

aagtgaaaga ctttttccgg tgggcaaagg atcacgtggt tgaggtggag catgagttct 420

acgtcaaaaa gggtggagcc aaaaaaagac ccgcccccag tgacgcagat ataagtgagc 480

ccaaacgggc gcgcgagtca gttgcgcagc catcgacgtc agacgcggaa gcttcgatca 540

actacgcgga caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgt gggcatgaat ctgatgctgt 600

ttccctgcag acaatgcgag agaatgaatc agaattcaaa tatctgcttc actcacggac 660

agaaagactg tccatagtgc tttcccgtgt cagaatctca acccgtttct gtcgtcaaaa 720

aggcgtatca gaaactgtgc tacattcatc acatcatggg aaaggtgcca gacgcttgca 780

ctgcttgcga cctggtcaat gtggatttgg atgactgcat ctctgaacaa taaatgattt 840

aaatcaggta tggctgccga tggttatctt ccagattggc tcgaggacac tctctctgaa 900

ggaataagac agtggtggaa gctcaaacct ggcccaccac caccaaagcc cgcagagcgg 960

cataaggacg acagcagggg tcttgtgctt cctggataca agtacctcgg acccttcaac 1020

ggactcgaca agggagagcc ggtcaacgag gcagacgccg cggccctcga gcacgacaag 1080

gcctacgacc ggcagctcga cagcggagac aacccgtacc tcaagtacaa ccacgccgac 1140

gcggagtttc aggagcgcct taaagaagat acgtcttttg ggggcaacct cggacgagca 1200

gtcttccagg cgaaaaagag ggttcttgaa cctctgggcc tggttgagga acctgttaag 1260

acggctccgg gaaaaaagag gccggtagag cactctcctg tggagccaga ctcctcctcg 1320

ggaaccggaa aagcgggcaa ccagcctgca agaaaaagat tgaatttcgg tcagactgga 1380

gacgcagact ccgtacctga cccccagcct ctcggacagc caccagcatc cccctctggt 1440

ctgggaacta atacgatggc tacaggcagt ggcgcaccaa tggcagacaa taacgagggc 1500

gccgacggag tgggtaattc ctcgggaaat tggcattgcg attccacatg gatgggcgac 1560

agagtcgtca ccaccagcac ccgcacctgg gccctgccca cctacaacaa ccacctctac 1620

aagcagattt ccagccaatc aggagccagc aacgacaacc actactttgg ctacagcacc 1680

ccttgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcgccacg cgactggcag 1740

agactcatca acaacaactg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgtttaac 1800

attcaagtca aggaggtcac gcagaatgac ggtacgacga cgattgccaa taaccttacc 1860

agcacggttc aggtgtttac tgacttggag taccagctcc cgtacgtcct cggctcggcg 1920

catcaaggat gcctcccgcc gttcccagca gacgtcttca tggtgccaca gtatggatac 1980

ctcaccctga acaacgggag tcaggcggta ggacgctctt ccttttactg cctggagtac 2040

tttccttctc agatgcttcg caccggaaac aactttacct tcagctacac ttttgaagac 2100

gttcctttcc acagcagcta cgctcacagt caaagtctgg accgtctcat gaatcctctc 2160

atcgaccagt acctgtatta cttgagcaga acaaacactc caagcggaac cactacgcag 2220

tccaggcttc agttttctca ggccggagcg agtgacattc gggaccagtc taggaactgg 2280

cttcctggac cctgttaccg ccagcagcga gtatcaaaga cagctgcgga taacaacaac 2340

agtgaatact cgtggactgg agctaccaag taccacctca atggcagaga ctctctggtg 2400

aatccgggcc cggccatggc cagccacaag gacgatgaag aaaagttttt tcctcaaagc 2460

ggggttctca tctttgggaa gcaaggctca gagaaaacaa atgtggacat tgaaaaggtc 2520

atgattacag acgaagagga aatcaggacc accaatcccg tggctacgga gcagtatggt 2580

tctgtatcta ccaacctcca gagcggcaac acacaagcag ctacctcaga tgtcaacaca 2640

caaggcgttc ttccaggcat ggtctggcag gacagagacg tgtacctgca ggggcccatc 2700

tgggcaaaaa ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggcggattt 2760

ggacttaaac accctcctcc acagattctc attaagaata ccccggtacc tgcgaatcct 2820

tcgaccacct tcagcgcggc aaagtttgct tccttcatca cacagtattc cacggggcag 2880

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaatcccgaa 2940

attcagtaca cttccaacta caacaaatct gttaatgtgg actttactgt ggacactaat 3000

ggggtgtatt cagagcctcg ccctattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaattg 3060

cttgttaatc aataaaccgt ttaattcgtt tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg 3120

aattcgttta aacctgcagg actagtccct ttagtgagg 3159

<210> 309

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 309

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
            20                  25                  30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ser Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Val
```

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 310

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 310

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaaagcccg cagagcggca taaggacgac 120

agcaggggtc ttgtgcttcc tggatacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag 180

ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccgg 240

cagctcgaca gcggagacaa cccgtacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagtttcag 300

gagcgcctta aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg gacgagcagt cttccaggcg 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tctgggcctg gttgaggaac ctgttaagac ggctccggga 420

aaaaagaggc ccgtagagca ctctcctgtg gagccagact cctcctcggg aaccggaaaa 480

gcgggcaacc agcctgcaag aaaaagattg aatttcggtc agactggaga cgcagactcc 540

gtacctgacc cccagcctct cggacagcca ccagcagccc cctctggtct gggaactaat 600

acgatggcta caggcagtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggcgc cgacggagtg 660

ggtaattcct cgggagattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agtcatcacc 720

accagcaccc gcacctgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcagatttcc 780

agccaatcag gagccagcaa tgacaaccac tactttggct acagcacccc ttgggggtat 840

tttgacttca acagattcca ctgccacttt tcgccacgcg actggcagag actcatcaac 900

aacaactggg gattccggcc caaaagactc aacctcaagc tgtttaacat tcaagtcaag 960

gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg attgccaata accttaccag cacggttcag 1020

gtgtttactg acttggagta ccagctcccg tacgtcctcg gctcggcgca tcaaggatgc 1080

ctcccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg gtgccacagt atggatacct caccctgaac 1140

aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc ttttactgcc tggagtactt tccttctcag 1200

atgcttcgta ccggaaacaa ctttaccttc agctacactt ttgaagacgt tcctttccac 1260

agcagctacg ctcacagtca aagtctggac cgtctcatga atcctctcat cgaccagtac 1320

ctgtattact tgagcagaac aaacactcca agcggaacca ctacgcagtc caggcttcag 1380

ttttctcagg ccggagcgag tgacattcgg gaccagtcta ggaactggct tcctggaccc 1440

tgttaccgcc agcagcgagt atcaaagaca gctgcggata acaacaacgg tgaatactcg 1500

tggactggag ctaccaagta ccacctcaat ggcagagact ctctggtgaa tccgggcccg 1560

gccatggcca gccacaagga cgatgaagaa aagtttttc ctcaaagcgg ggttctcatc 1620

tttgggaagc aaggctcaga gaaaacaaat gtggacattg aaaaggtcat gattacagac 1680

gaagaggaaa tcaggaccac caatcccgtg gctacggagc agtatggttc tgtatctacc 1740

aacctccaga gcggcaacac acgagcagct acctcagatg tcaacacaca aggcgttctt 1800

ccaggcatgg tctggcagga cagagacgtg tacctgcagg ggcccatctg ggcaaaaatt 1860

ccacacacgg acggacattt tcacccctct cccctcatgg gcggatttgg acttaaacac 1920

cctcctccac agattctcat taagaatacc ccggtacctg cgaatccttc gaccaccttc 1980

agcgcggcaa agtttgcttc cttcatcaca cagtattcca cggggcaggt cagcgtggag 2040

atcgagtggg agctgcagaa ggagaacagc aaacgctgga atcccgaaat tcagtacact 2100

tccaactaca acaaatctgt taatgtggac tttactgtgg acactaatgg ggtgtattca 2160

gagcctcgcc ctattggcac cagatacctg actcgtaatc tgtaa 2205

<210> 311

<211> 3156

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 311

cgattgaatt tagcggccgc gaattcgccc ttgctgcgtc aacggaccaa tgagaacttt 60

cccttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgtgt ggaccaaaag 180

tgcaagtctt cggcccagat cgacccgact cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga ttgatggaaa ctcaacgacc ttcgagcacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaacttac ccgccgtctg gatcatgact ttggaaaggt caccaagcag 360

gaagtgaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgagttc 420

tacgtcaaaa agggtggagc caaaaaaaga cccgccccca gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgagtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gcgaatgaat cagaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaagact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcttgcg acctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaaagcccg cagagcggca 960

taaggacgac agcaggggtc ttgtgcttcc tggatacaag tacctcggac ccttcaacgg 1020

actcgacaag ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaggc 1080

ctacgaccgg cagctcgaca gcggagacaa cccgtacctc aagtacaacc acgccgacgc 1140

ggagtttcag gagcgcctta aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg gacgagcagt 1200

cttccaggcg aaaaagaggg ttcttgaacc tctgggcctg gttgaggaac ctgttaagac 1260

ggctccggga aaaaagaggc ccgtagagca ctctcctgtg gagccagact cctcctcggg 1320

aaccggaaaa gcgggcaacc agcctgcaag aaaaagattg aatttcggtc agactggaga 1380

cgcagactcc gtacctgacc cccagcctct cggacagcca ccagcagccc cctctggtct 1440

gggaactaat acgatggcta caggcagtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggcgc 1500

cgacggagtg ggtaattcct cgggagattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag 1560

agtcatcacc accagcaccc gcacctgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa 1620

gcagatttcc agccaatcag gagccagcaa tgacaaccac tactttggct acagcacccc 1680

ttgggggtat tttgacttca acagattcca ctgccacttt tcgccacgcg actggcagag 1740

actcatcaac aacaactggg gattccggcc caaaagactc aacctcaagc tgtttaacat 1800

tcaagtcaag gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg attgccaata accttaccag 1860

cacggttcag gtgtttactg acttggagta ccagctcccg tacgtcctcg gctcggcgca 1920

tcaaggatgc ctcccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg gtgccacagt atggatacct 1980

caccctgaac aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc ttttactgcc tggagtactt 2040

tccttctcag atgcttcgta ccggaaacaa ctttaccttc agctacactt ttgaagacgt 2100

tcctttccac agcagctacg ctcacagtca aagtctggac cgtctcatga atcctctcat 2160

cgaccagtac ctgtattact tgagcagaac aaacactcca agcggaacca ctacgcagtc 2220

caggcttcag ttttctcagg ccggagcgag tgacattcgg gaccagtcta ggaactggct 2280

tcctggaccc tgttaccgcc agcagcgagt atcaaagaca gctgcggata acaacaacgg 2340

tgaatactcg tggactggag ctaccaagta ccacctcaat ggcagagact ctctggtgaa 2400

tccgggcccg gccatggcca gccacaagga cgatgaagaa aagttttttc ctcaaagcgg 2460

ggttctcatc tttgggaagc aaggctcaga gaaaacaaat gtggacattg aaaaggtcat 2520

gattacagac gaagaggaaa tcaggaccac caatcccgtg gctacggagc agtatggttc 2580

tgtatctacc aacctccaga gcggcaacac acgagcagct acctcagatg tcaacacaca 2640

aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga cagagacgtg tacctgcagg ggcccatctg 2700

ggcaaaaatt ccacacacgg acggacattt tcacccctct cccctcatgg gcggatttgg 2760

acttaaacac cctcctccac agattctcat taagaatacc ccggtacctg cgaatccttc 2820

gaccaccttc agcgcggcaa agtttgcttc cttcatcaca cagtattcca cggggcaggt 2880

cagcgtggag atcgagtggg agctgcagaa ggagaacagc aaacgctgga atcccgaaat 2940

tcagtacact tccaactaca acaaatctgt taatgtggac tttactgtgg acactaatgg 3000

ggtgtattca gagcctcgcc ctattggcac cagatacctg actcgtaatc tgtaattgct 3060

tgttaatcaa taaaccgttt aattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa 3120

ttcgtttaaa cctgcaggac tagtcccttt agtgag 3156

<210> 312

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 312

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Lys
20 25 30

Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Arg

65 70 75 80

Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly Lys
145 150 155 160

Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly
165 170 175

Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro Ala
180 185 190

Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly Ala
195 200 205

Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser
210 215 220

Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr
225 230 235 240

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr
245 250 255

Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr Phe
260 265 270

Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys
275 280 285

His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly
290 295 300

Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Leu Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys
305 310 315 320

Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr
325 330 335
Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val
340 345 350

Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val
355 360 365
Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln
370 375 380
Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln
385 390 395 400
Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp
405 410 415

Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu
420 425 430
Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn
435 440 445
Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln Ala
450 455 460
Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly Pro
465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn Asn
485 490 495
Gly Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg
500 505 510
Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525
Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln
530 535 540

Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr Asp
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly

565 570 575

Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Arg Ala Ala Thr Ser

580 585 590

Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 313

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 313

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtacg accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgatgg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accatctgta caagcagatt 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

agagaggtca cgcagaatga tggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta cttcccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga tgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggatcagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg acaacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggattg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggcaatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaaggatc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcagaac caccaatccc gtggccacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca tctactgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcctat ctgggcaaag 1860

attccgcaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaaaaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacggggcg ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctaca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 314

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 314

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asp His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Asp Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Arg Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Ile Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ser Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Arg Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 315

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 315

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagacag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaaccccccg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattccg catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgacc ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcccgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaacggcag tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgcggag aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac 1260

gtgccttttc acagcagcta cgcgcatagc caaagcctgg accggctgat gaaccccctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440

ctacccgggc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca aaataacaac 1500

agcaactttg cttggaccgg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta 1560

aatcccggtg tcgctatggc aacgcacaag gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttga tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gtgaggaaga aatcaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaaac acccgcctcc tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccaactacct tcagtcaagc caagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160

ggtacttatt cagagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa cctgtaa 2217

<210> 316

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 316

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Ala Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Pro Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 317

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 317

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 318

<211> 3158

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 318

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cctttcaatg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgcgc ggaccagaaa 180

tgcaagtcct cggcccagat agacccgact cccgtgattg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga ttgacgggaa ctcaacgacc ttcgaacacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaactcac ccgccgtctg gatcatgact ttgggaaggt caccaagcag 360

gaagtcaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgaattc 420

tacgtcaaaa agggtggagc taagaaaaga cccgccccca gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgagtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg gcaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gagaatgaat cagaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaagact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactttg ctacattcat catatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcctgcg atctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg 960
gcataaggac gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa 1020
cggactcgac aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa 1080
ggcctacgac cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga 1140
cgcggagttt caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc 1200
agtcttccag gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa 1260
aacggctccg ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc 1320

gggaaccgga aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg 1380
agacgcagac tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg 1440
tctgggatct actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg 1500
tgccgatgga gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga 1560
cagagtcatc accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta 1620
caagcaaatc tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac 1680
cccctggggg tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca 1740

aagactcatc aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa 1800
cattcaagtc aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac 1860
cagcacggtt caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc 1920
gcatcaagga tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata 1980
cctcaccctg aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta 2040
ctttccttct cagatgctgc gtaccggaaa caactttcaa ttcagctaca cttttgaaga 2100
cgtgcctttc cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct 2160

ggtcgaccag tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca 2220
gtctcggcta ctgtttagcc aagctggacc caccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg 2280
gctgcctgga ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa 2340
cagcaacttt ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt 2400
taatccagga ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca 2460
tggaaccctt atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt 2520
catgattaca gatgaagaag aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg 2580

aactgtatca aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca 2640

ccaaggagcg ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat 2700

ttgggccaag attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt 2760

tggactcaaa cacccacctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc 2820

tcccacaaac ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca 2880

ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga 2940

aattcagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa 3000

tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaatt 3060

gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc 3120

gaattcgttt aaacctgcag gactagtccc tttagtga 3158

<210> 319

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 319

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Pro Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Arg Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Val Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 320

<211> 3159

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 320

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cctttcaatg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgcgt ggaccagaaa 180

tgcaagtcct cggcccagat agacccgact cccgtgattg tcacctccaa caccgacatg 240

tgcgccgtga ttgacgggaa ctcaacgacc ttcgaacacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaactcac ccgccgtctg gatcatgact ttgggaaggt caccaagcag 360

gaagtcaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgaattc 420

tacgtcaaaa agggtggagc taagaaaaga cccgccccca gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgagtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gagaatgaat cagaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaagact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactttg ctacattcat catatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcctgcg atctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg 960

gcataaggac gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa 1020

cggactcgac aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa 1080

ggcctacgac cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga 1140

cgcggagttt caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc 1200

agtcttccag gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa 1260

aacggctccg ggaaaaaaga ggccggtaga gcaccctcct gtggagccag actcctcctc 1320

gggaaccgga aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg 1380

agacgcagac tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg 1440

tctgggatct actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg 1500

tgccgatgga gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga 1560

cagagtcatc accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta 1620

caagcaaatc tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac 1680

cccctggggg tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca 1740

aagactcatc aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa 1800

cattcaagtc aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac 1860

cagcacggtt caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc 1920

gcatcaagga tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata 1980

cctcaccctg aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta 2040

ctttccttct cagatgctgc gtaccggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga 2100

cgtgcctttc cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct 2160

gatcgaccag tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca 2220

gtctcggcta ctgtttagcc aagctggacc caccaacatg tctcttcaag ctaaaaaccg 2280

gctgcctgga ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa 2340
cagcaacttt ccctggaccg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt 2400
taatccagga ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca 2460
tggaaccctt atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt 2520
catgattaca gatgaagaag aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg 2580
aactgtatca aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca 2640
ccaaggagcg ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat 2700

ttgggccaag attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactgg tgggaggttt 2760
tggactcaaa cacccacctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc 2820
tcccacaaac ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca 2880
ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga 2940
aattcagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa 3000
tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaatt 3060
gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc 3120

gaattcgttt aaacctgcag gactagtccc tttagtgag 3159

<210> 321
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 321

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtaccttg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac cccaagtaca accacgccga cgcggagttc 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggctctgccc acctacaaca accacctcta caagcagatt 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcgccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaatt ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgcccacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctt aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtgtggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcccc cgcagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgactacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccaggtac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 322

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 322

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 323
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 323

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtaccttg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acggcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttc 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctctt gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaggaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggctctgccc acctacaaca accacctcta caggcagatt 780
tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcgccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaatt ggggatcccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgcccacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct cgtcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctt aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtgtggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcccc cgcagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgactacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 324

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 324

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Gly Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Leu Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Arg Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Arg Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Ser Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 325

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 325

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Glu Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Cys Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Ser Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Arg Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 326

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 326

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcttggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaatgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcggcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380
cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440
ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620
ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740
gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800
caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920
ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980
ccaacgacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160
ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 327
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 327

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Leu
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Gly Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735
Asn Leu

<210> 328
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 328

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Pro Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 329

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 329

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 330

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 330

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg gacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tttgggatct 600
actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tcaagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcgggtcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa aacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagtc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctacctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcaccta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggca tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaagagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 331

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 331

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 332

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 332

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaacaaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tcaagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcgggtcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa aacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagtc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctacctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtaccaccta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggca tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaagagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 333

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 333

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccacctg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg agggagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tgccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 334

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 334

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Thr Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 335

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 335

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatcaggac 120

aacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gaccctccaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctgcagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtacccgctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040

gagattgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctt gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 336

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 336

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Gln Asp Asn Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Ser Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Cys Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Pro Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Cys Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 337

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 337

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 338

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 338

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 339
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 339
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 340

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 340

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 341
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 341
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcga 60
gagtggtggg cgctgcaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120
aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggaac ccgtcaacgc agcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480
aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 342

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 342

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 343

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 343

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccttgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accgccagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 344

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 344

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 345

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 345

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccttgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc cctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtgtacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 346

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 346

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 347

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 347

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat gactgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 348

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 348

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr
225 230 235 240

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr

245 250 255

Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 349

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 349

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

ccttttcaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 350

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 350

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 351

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 351

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccttgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accgccagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 352

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 352

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 353

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 353

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctccc 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctctac gggcatcggc 480

aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aacacctact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 354

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 354

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 355

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 355

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaagaggtta cggacaacaa tggagtcaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caggtcttca cggactcaga ctatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc tcacgagggc 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgttttc atgattcctc agtacgggta tctgacgctt 1140

aatgatggaa gccaggccgt gggtcgttcg tccttttact gcctggaata tttcccgtcg 1200

caaatgctaa gaacgggtaa caacttccag ttcagctacg agtttgagaa cgtacctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagcctg gaccgactaa tgaatccact catcgaccaa 1320

tacttgtact atctctcaaa gactattaac ggttctggac agaatcaaca aacgctaaaa 1380

ttcagtgtgg ccggacccag caacatggct gtccagggaa gaaactacat acctggaccc 1440

agctaccgac aacaacgtgt ctcaaccact gtgactcaaa acaacaacag cgaatttgct 1500

tggcctggag cttcttcttg ggctctcaat ggacgtaata gcttgatgaa tcctggacct 1560

gctatggcca gccacaaaga aggagaggac cgtttctttc ctttgtctgg atctttaatt 1620

tttggcaaac aaggaactgg aagagacaac gtggatgcgg acaaagtcat gataaccaac 1680

gaagaagaaa ttaaaactac taacccggta gcaacggagt cctatggaca agtggccaca 1740

aaccaccaga gtgcccaagc acaggcgcag accggctggg ttcaaaacca aggaatactt 1800

ccgggtatgg tttggcagga cagagatgtg tacctgcaag gacccatctg ggccaagatt 1860

cctcacacgg acggcaactt ccacccgtct ccgctgatgg gcggctttgg cctgaaacat 1920

cctccgcctc agatcctgat caagaacacg cctgtacctg cggatcctcc gaccaccttc 1980

aaccagtcaa agctgaactc tttcatcacg caatacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2040

attgaatggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga atcccgaagt gcagtataca 2100

tctaactatg caaaatctgc caacgttgat ttcactgtgg acaacaatgg actttatact 2160

gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtcccc tgtaa 2205

<210> 356

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 356

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe Glu

405 410 415
Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445
Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala
450 455 460
Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro

465 470 475 480
Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg
500 505 510
Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly
515 520 525
Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln

530 535 540
Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly

565 570 575

Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly

580 585 590

Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro

645 650 655

Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala

690 695 700

Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730

<210> 357

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 357

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagt gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
accgacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740
gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 358

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 358

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Trp Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 359

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 359

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctcggcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtcttcatgg tgccacagta tggatacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggacttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 360

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 360

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Asp Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 361

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 361

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aactgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

accaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaagaggtta cggacaacaa tggagtcaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caggtcttca cggactcaga ctatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc tcacgagggc 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgttttc atgattcctc agtacgggta tctgacgctt 1140

aatgatggaa gccaggccgt gggtcgttcg tccttttact gcctggaata tttcccgtcg 1200

caaatgctaa gaacgggtaa caacttccag ttcagctacg agtttgagaa cgtacctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagcctg gaccgactaa tgaatccact catcgaccaa 1320

tacttgtact atctctcaaa gactattaac ggttctggac agaatcaaca aacgctaaaa 1380

ttcagtgtgg ccggacccag caacatggct gtccagggaa gaaactacat acctggaccc 1440

agctaccgac aacaacgtgt ctcaaccact gtgactcaaa acaacaacag cgaatttgct 1500

tggcctggag cttcttcttg ggctctcaat ggacgtaata gcttgatgaa tcctggacct 1560

gctatggcca gccacaaaga aggagaggac cgtttctttc ctttgtctgg atctttaatt 1620

tttggcaaac aaggaactgg aagagacaac gtggatgcgg acaaagtcat gataaccaac 1680

gaagaagaaa ttaaaactac taacccggta gcaacggagt cctatggaca agtggccaca 1740

aaccaccaga gtgcccaagc acaggcgcag accggctggg ttcaaaacca aggaatactt 1800

ccgggtatgg tttggcagga cagagatgtg tacctgcaag gacccatctg ggccaagatt 1860

cctcacacgg acggcaactt ccacccgtct ccgctgatgg gcggctttgg cctgaaacat 1920

cctccgcctc agatcctgat caagaacacg cctgttcctg cgaatcctcc ggcggagttt 1980

tcagctacaa agtttgcttc attcatcacc cagtactcca caggacaagt gagtgtggaa 2040

attgaatggg agctgcagaa agaaaacagc aagcgctgga atcccgaagt gcagtacaca 2100

tccaattatg caaaatctgc caacgttgat tttactgtgg acaacaatgg actttatact 2160

gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctt accaaacctc tgtaa 2205

<210> 362

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 362

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Cys Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Thr Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe Glu

405 410 415

Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala

450 455 460

Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro

465 470 475 480

Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn

485 490 495

Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg

500 505 510

Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly

515 520 525

Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln

530 535 540

Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly
565 570 575
Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly

580 585 590
Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655
Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala
690 695 700
Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu Tyr Thr

705 710 715 720
Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Lys Pro Leu
725 730

<210> 363
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 363
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600
cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660
ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780
atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccttgg 840
gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900
atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260
ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320
cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440
ggaccctgtt accgccagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740
gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 364

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 364

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 365

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 365

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 366

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 366

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 367

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 367

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaagaggtta cggacaacaa tggagtcaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caggtcttca cggactcaga ctatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc tcacgagggc 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgttttc atgattcctc agtacgggta tctgacgctt 1140

aatgatggaa gccaggccgt gggtcgttcg tccttttact gcctggaata tttcccgtcg 1200

caaatgctaa gaacgggtaa caacttccag ttcagctacg agtttgagaa cgtacctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagcctg gaccgactaa tgaatccact catcgaccaa 1320

tacttgtact atctctcaaa gactattaac ggttctggac agaatcaaca aacgctaaaa 1380

ttcagtgtgg ccggacccag caacatggct gtccagggaa gaaactacat acctggaccc 1440

agctaccgac aacaacgtgt ctcaaccact gtgactcaaa acaacaacag cgaatttgct 1500

tggcctggag cttcttcttg ggctctcaat ggacgtaata gcttgatgaa tcctggacct 1560

gctatggcca gccacaaaga aggagaggac cgtttctttc ctttgtctgg atctttaatt 1620

tttggcaaac aaggaactgg aagagacaac gtggatgcgg acaaagtcat gataaccaac 1680

gaagaagaaa ttaaaactac taacccggta gcaacggagt cctatggaca agtggccaca 1740

aaccaccaga gtgcccaagc acaggcgcag accggctggg ttcaaaacca aggaatactt 1800

ccgggtatgg tttggcagga cagagatgtg tacctgcaag gacccatttg ggccaaaatt 1860

cctcacacgg acggcaactt tcacccttct ccgctgatgg gagggtttgg aatgaaacac 1920

ccgcctcctc agatcctcat caaaaacaca cctgtacctg cggatcctcc aacggccttc 1980

aacaaggaca agctgaactc tttcatcacc cagtattcta ctggccaagt cagcgtggag 2040

atcgagtggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga accccgagat ccagtacacc 2100

tccaactact acaaatctac aagtgtggac tttgctgtta atacagaagg cgtgtactct 2160

gaaccccgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaatc tgtaa 2205

<210> 368

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 368

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe Glu
405 410 415

Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445

Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala
450 455 460

Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro
465 470 475 480

Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn
485 490 495

Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg
500 505 510

Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly
515 520 525

Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln
530 535 540

Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly
565 570 575

Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly
580 585 590
Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro
645 650 655
Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr
690 695 700

Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser
705 710 715 720
Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 369
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 369

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccct ctcccctcat gggtggattc 1920
ggacttaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980
ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100
atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160
ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 370
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 370

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
450 455 460
Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 371
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"
<400> 371
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcga 60
gagtggtggg cgctgcaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120
aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggaac ccgtcaacgc agcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480
aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag ccccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960
aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080
tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200
cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320
tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380
ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440
gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500
tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560
ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620
ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740
gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920
aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980
actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 372

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 372

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 373

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 373

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcga 60

gagtggtggg cgctgcaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggaac ccgtcaacgc agcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 374

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 374

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 375

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 375

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 376

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 376

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 377
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 377
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca acggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaaccaccag cagcccccac aagtttggga 600

tctaatacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccttg cccacctaca ataaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa ccgcttccac tgccacttct cgccaagaga ctggcaaaga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacgacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta tggatacctc 1140

accctgaaca acggaagtca agcggtggga cgctcatcct tttactgcct ggagtacttc 1200

ccttcgcaga tgctaaggac tggaaataac ttccaattca gctatacctt cgaggatgta 1260

ccttttcaca gcagctacgc tcacagccag agtttggatc gcttgatgaa tcctcttatt 1320

gatcagtatc tgtactacct gaacagaacg caaggaacaa cctctggaac aaccaaccaa 1380

tcacggctgc tttttagcca ggctgggcct cagtctatgt ctttgcaggc cagaaattgg 1440

ctacctgggc cctgctaccg gcaacagaga ctttcaaaga ctgctaacga caacaacaac 1500

agtaactttc cttggacagc agccagcaaa tatcatctca atggccgcga ctcgctggtg 1560

aatccaggac cagctatggc cagtcacaag gacgatgaag aaaaattttt ccctatgcac 1620

ggcaatctaa tatttggcaa agaagggaca acggcaagta acgcagaatt agataatgta 1680

atgattacgg atgaagaaga gattcgtacc accaatcctg tggcaacaga gcagtatgga 1740

actgtggcaa ataacttgca gagctcaaat acagctccca cgactagaac tgtcaatgat 1800

caggggggcct tacctggcat ggtgtggcaa gatcgtgacg tgtaccttca ggggcccatc 1860

tgggcaaaga ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggtggattc 1920

ggacttaaac accctcctcc gcagattctc atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1980

tcgaccacct tcagtgcggc aaagtttgct tccttcatca cacagtactc cacgggacag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaacccggag 2100

atccagtaca cttccaacta ttacaagtct aataatgttg aatttgctgt taatactgaa 2160

ggtgtatata gtgaaccccg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2217

<210> 378

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 378

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Thr Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn

485 490 495

Asp Asn Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val

545 550 555 560

Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Thr Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 379

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 379

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgatt tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaatt ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaggaggtca cgcagaatga aggcaccaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct gattgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggactatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccg tctccgctga tgggcggctt tggcctgaaa 1920
catcctccgc ctcagatcct gatcaagaac acgcctgtac ctgcggatcc tccgaccacc 1980
ttcaaccagt caaagctgaa ctctttcatc actcagtatt ctactggcca agtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaaccccga gatccagtac 2100
acctccaact actacaaatc tacaagtgtg gactttgctg ttaatacaga aggcgtgtac 2160
tctgaacccc gccccattgg cacccgttac ctcacccgta atctgtaa 2208

<210> 380
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 380
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

```
            500                 505                 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
        515                 520                 525
Tyr Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
    530                 535                 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545                 550                 555                 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
                565                 570                 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
            580                 585                 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
        595                 600                 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
    610                 615                 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625                 630                 635                 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp
                645                 650                 655
Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln
            660                 665                 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
        675                 680                 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
    690                 695                 700
Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr
705                 710                 715                 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
                725                 730                 735
<210> 381
<211> 2214
<212> DNA
```

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 381

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccatttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat ttgcggataa caacaacagt 1500

gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg gcagagactc tctggtgaat 1560

ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa agttttttcc tcagagcggg 1620

gttctcatct ttgggaagca aggctcagag aaaacaaatg tggacattga aaaggtcatg 1680

attacagacg aagaggaaat caggacaacc aatcccgtgg ctacggagca gtatggttct 1740

gtatctacca acctccagag aggcaacaga caagcagcta ccgcagatgt caacacacaa 1800

ggcgttcttc caggcatggt ctggcaggac agagatgtgt accttcaggg gcccatctgg 1860

gcaaagattc cacacacgga cggacatttt cacccctctc ccctcatggg tggattcgga 1920

cttaaacacc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacccgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcaccc agtattctac tggccaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 382

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 382

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

```
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145                 150                 155                 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
            260                 265                 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

        275                 280                 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
    290                 295                 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305                 310                 315                 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
                325                 330                 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
```

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Phe Ala Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala

580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 383

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 383

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaaccaccag cagcccccac aagtttggga 600
tctaatacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgcac ctgggccttg cccacctaca ataaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgactttaa ccgcttccac tgccacttct cgccaagaga ctggcaaaga 900
ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960
caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacgacca tcgccaataa cctcaccagc 1020
accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta tggatacctc 1140
accctgaaca acggaagtca agcggtggga cgctcatcct tttactgcct ggagtacttc 1200
ccttcgcaga tgctaaggac tggaaataac ttccaattca gctatacctt cgaggatgta 1260
ccttttcaca gcagctacgc tcacagccag agtttggatc gcttgatgaa tcctcttatt 1320
gatcagtatc tgtactacct gaacagaacg caaggaacaa cctctggaac aaccaaccaa 1380
tcacggctgc tttttagcca ggctgggcct cagtctatgt ctttgcaggc cagaaattgg 1440
ctacctgggc cctgctaccg gcaacagaga ctttcaaaga ctgctaacga caacaacaac 1500

agtaactttc cttggacagc agccagcaaa tatcatctca atggccgcga ctcgctggtg 1560
aatccaggac cagctatggc cagtcacaag gacgatgaag aaaaattttt ccctatgcac 1620
ggcaatctaa tatttggcaa agaagggaca acggcaagta acgcagaatt agataatgta 1680
atgattacgg atgaagaaga gattcgtacc accaatcctg tggcaacaga gcagtatgga 1740
actgtggcaa ataacttgca gagctcaaat acagctccca cgactagaac tgtcaatgat 1800
caggggggcct tacctggcat ggtgtggcaa gatcgtgacg tgtaccttca ggggcccatc 1860
tgggcaaaga ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggtggattc 1920

ggacttaaac accctcctcc gcagattctc atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1980

tcgaccacct tcagtgcggc aaagtttgct tccttcatca cacagtactc cacgggacag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaacccggag 2100

atccagtaca cttccaacta ttacaagtct aataatgttg aatttgctgt taatactgaa 2160

ggtgtatata gtgaaccccg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2217

<210> 384

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 384

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn
435 440 445

Arg Thr Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn
485 490 495
Asp Asn Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val
545 550 555 560
Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Thr Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 385

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 385

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 386

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 386

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 387
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 387

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc caaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacagca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac gactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgatt tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgagg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 388

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 388

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Ser Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn Asp Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Glu Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 389
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 389
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttc 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatt 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcaacttca agctctttaa catccaggtc 960

aaggaggtca cgcagaatga aggcaccaag accatcgcca ataacctcac cagcaccatc 1020
caggtgttta cggactcgga gtaccagctg ccgtacgttc tcggctctgc ccaccagggc 1080
tgcctgcctc cgttcccggc ggacgtgttc atgattcccc agtacggcta cctaacactc 1140
aacaacggta gtcaggccgt gggacgctcc tccttctact gcctggaata ctttccttcg 1200
cagatgctga gaaccggcaa caacttccag tttacttaca ccttcgagga cgtgcctttc 1260
cacagcagct acgcccacag ccagagcttg gaccggctga tgaatcctct gattgaccag 1320
tacctgtatt acttgtctcg gactcaaaca acaggaggca cgacaaatac gcagactctg 1380

ggcttcagcc aaggtgggcc taatacaatg gccaatcagg caaagaactg gctgcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acagggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc agggtcccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cagatggaca ctttcacccg tcccctctta tgggcggctt tggactcaag 1920

aacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag 1980

ttttcagcta caaagtttgc ttcattcatc acccaatact ccacaggaca agtgagtgtg 2040

gaaattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaagcgct ggaatcccga agtgcagtac 2100

acatccaatt atgcaaaatc tgccaacgtt gattttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctcacccgta atctgtaa 2208

<210> 390

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 390

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln
450 455 460
Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 391

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 391

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccatttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat ttgcggataa caacaacagt 1500

gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg gcagagactc tctggtgaat 1560

ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa agtttttttcc tcagagcggg 1620

gttctcatct ttgggaagca aggctcagag aaaacaaatg tggacattga aaaggtcatg 1680

attacagacg aagaggaaat caggacaacc aatcccgtgg ctacggagca gtatggttct 1740

gtatctacca acctccagag aggcaacaga caagcagcta ccgcagatgt caacacacaa 1800

ggcgttcttc caggcatggt ctggcaggac agagatgtgt accttcaggg gcccatctgg 1860

gcaaagattc cacacacgga cggacatttt caccctctc ccctcatggg tggattcgga 1920

cttaaacacc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacccgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcaccc agtattctac tggccaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 392

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 392

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Phe Ala Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala

580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 393

<211> 2196

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 393

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg caacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacga ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtactcga gcctctgggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagc ggccagtaga accggactcc agctcgggca tcggcaagtc aggccagcag 480

cccgcgaaaa agagactgaa ttttgggcag actggcgact cagagtcagt gcctgacccc 540

caacctctct cagaaccacc cgcaggtccc tctggtctgg gatctggtac aatggctgct 600

ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac gaaggcgccg acggagtggg taatgtctca 660

ggaaattggc attgcgattc cacatggctg ggcgaccgag tcatcaccac cagcactcgg 720

acctgggccc tccccaccta caacaaccac ctctacaagc aaatctccaa cgggacctcg 780

ggaggcagca gcaacgacaa cacctacttt ggctacagca ccccctgggg gtattttgac 840

tttaacagat tccactgcca cttttcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 900

tgggggttcc ggcccaagaa gctcaacttc aagctcttca acatccaggt caaggaggtc 960

acccagaatg aaggcaccaa gaccatcgcc aataacctca ccagcacggt gcaggtcttt 1020

acggactcgg agtaccagct cccgtacgtg ctcggctctg cccaccaggg ctgcctgcct 1080

ccgttcccgg cggacgtgtt catgattccg cagtacgggt acctgacgct gaacaacggg 1140

agccaggccg tggggcgatc ctccttctac tgcctggagt actttccctc gcagatgctg 1200

agaacgggca acaactttac cttcagctac accttcgagg acgtgccctt ccacagcagc 1260

tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaacccgc tgattgacca gtacctgtac 1320

tacctgtctc ggactcagac caacgggacc aatgccacgc agactctgtt gtttgctcag 1380

gccgggcctc agaacatgtc ggctcaggcc aagaactggc tgcctggtcc ttgctatcgg 1440

cagcagcgcg tctctacgac agtgtcgcaa aacaacaaca gcaactttac ctggaccggg 1500

gcgaccaagt accacctgaa cggccgagac tccctggtga gccccggtgt cgccatggca 1560

acgcacaagg acgacgagga gcgcttcttc ccgagcagcg gggtcctgat gtttggcaag 1620

cagggcgctg gaaaggacaa tgtcgagtac accaacgtga tgctcaccag cgaggaggag 1680

atcaagacca ccaaccctgt ggccacggag cagtacggcg tggtggctga caatctgcag 1740

cagaccaact cagctcccat tgtgggggca gtcaacagcc agggggcctt acccggtatg 1800

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcccatct gggccaagat cccgcatacg 1860

gacggcaact ttcacccgtc tcctctcatg ggcggctttg gactgaaaca cccgcctccc 1920

cagatcctga tcaaaaacac gccggtacct gcggatcccc cggtgaactt tacggacgct 1980

aagctggcga gtttcatcac gcagtacagc accgggcagg tcagcgtgga gattgagtgg 2040

gagctgcaga aggagaacag caagcgctgg aatcccgaga ttcagtacac ttccaattat 2100

tataaatcag ctaatgtgga ctttgccgtc aatgcagatg gtgtatatag tgaaccccgc 2160

cccattggca ctcgttacct cacccgtaat ctgtaa 2196

<210> 394

<211> 731

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 394

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Ser Gly Gln Gln
145 150 155 160
Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser
165 170 175
Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Ser Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser Gly
180 185 190

Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp
195 200 205
Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Val Ser Gly Asn Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser
245 250 255

Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285
Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320

Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335

Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val
370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Asn
435 440 445

Gly Thr Asn Ala Thr Gln Thr Leu Leu Phe Ala Gln Ala Gly Pro Gln
450 455 460

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
500 505 510

Val Ser Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
530 535 540

Lys Asp Asn Val Glu Tyr Thr Asn Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
545 550 555 560
Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Ser Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
580 585 590
Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
595 600 605
Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe
610 615 620
His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Asn
645 650 655
Phe Thr Asp Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
660 665 670
Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
675 680 685
Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Ala
690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ala Asp Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720
Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 395
<211> 2196
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 395

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg caacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacga ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtactcga gcctctgggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagc ggccagtaga accggactcc agctcgggca tcggcaagtc aggccggcag 480

cccgcgaaaa agagactgaa ttttgggcag actggcgact cagagtcagt gcctgacccc 540

caacctctct cagaaccacc cgcaggtccc tctggtctgg gatctggtac aatggctgca 600

ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac gaaggcgccg acggagtggg taatgcctca 660

ggaaattggc attgcgattc cacatggctg ggcgaccgag tcatcaccac cagcactcgg 720

acctgggccc tccccaccta caacaaccac ctctacaagc aaatctccaa cgggacctcg 780

ggaggcagca gcaacgacaa cacctacttt ggctacagca ccccctgggg gtattttgac 840

tttaacagat tccactgcca cttttcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 900

tggggattcc ggcccaagag gctcaacttc aagctcttca acatccaggt caaggaggtc 960

acccagaatg aaggcaccaa gaccatcgcc aataacctca ccagcacggt gcaggtcttt 1020

acggactcga agtaccagct cccgtacgtg ctcggctctg cccaccaggg ctgcctgcct 1080

ccgttcccgg cggacgtgtt catgattccg cagtacgggt acctgacgct gaacaacggg 1140

agccaggccg tggggcgatc ctccttctac tgcctggagt actttccctc gcagatgctg 1200

agaacgggca acaactttac cttcagctac accttcgagg acgtgccctt ccacagcagc 1260

tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaacccgc tgattgacca gtacctgtac 1320

tacctgtctc ggactcagac caacgggacc aatgccacgc agactctgtt gtttgctcag 1380

gccgggcctc agaacatgtc ggctcaggcc aagaactggc tgcctggtcc ttgctatcgg 1440

cagcagcgcg tctctacgac agtgtcgcaa aacaacaaca gcaactttac ctggaccggg 1500

gcgaccaagt accacctgaa cggccgagac tccctggtga accccggtgt cgccatggca 1560

acgcacaagg acgacgagga gcgcttcttc ccgagcagcg gggtcctgat gtttggcaag 1620

cagggcgctg gaaaggacaa tgtcgagtac accaacgtga tgctcaccag cgaggaggag 1680

atcaagacca ccaaccctgt ggccacggag cagtacggtg tggtggctga caatctgcag 1740

cagaccaact cggctcccat tgtgggggca gtcaacagcc agggggcctt acccggtatg 1800

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcccatct gggccaagat cccgcatacg 1860
gacggcaact ttcacccgtc tcctctcatg ggcggctttg gactgaaaca cccgcctccc 1920
cagatcctga tcaaaaacac gccggtacct gcggatcccc cggtgaactt tacggacgct 1980
aagctggcga gtttcatcac gcagtacagc accgggcagg tcagcgtgga gattgagtgg 2040
gagctgcaga aggagaacag caagcgctgg aatcccgaga ttcagtacac ttccaattat 2100
tataaatcag ctaatgtgga ctttgccgtc aatgcagatg gtgtatatag tgaaccccgc 2160
cccattggca ctcgttacct cacccgtaat ctgtaa 2196

<210> 396
<211> 731
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 396

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Ser Gly Arg Gln

145 150 155 160

Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser

165 170 175

Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Ser Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser Gly

180 185 190

Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp

195 200 205

Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser

245 250 255

Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Lys Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415
Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Asn
435 440 445
Gly Thr Asn Ala Thr Gln Thr Leu Leu Phe Ala Gln Ala Gly Pro Gln
450 455 460
Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
500 505 510
Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
530 535 540
Lys Asp Asn Val Glu Tyr Thr Asn Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
565 570 575
Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Ser Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
580 585 590
Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
595 600 605
Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
625 630 635 640
Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Asn
645 650 655
Phe Thr Asp Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
660 665 670
Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Ala
690 695 700
Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ala Asp Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720
Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 397
<211> 2196
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 397
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg caacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacga ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300
caagagcgtc tgcaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga gggtactcga gcctctgggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagc ggccagtaga accggactcc agctcgggca tcggcaagtc aggccagcag 480

cccgcgaaaa agagactgaa ttttgggccg actggcgact cagagtcagt gcctgacccc 540

caacctctct cagaaccacc tgcaggtccc tctggtctgg gatctggtac aatggctgca 600

ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac gaaggcgccg acggagtggg taatgtctca 660

ggaaattggc attgcgattc cacatggctg ggcgaccgag tcatcaccac cagcactcgg 720

acctgggccc tccccaccta caacaaccac ctctacaagc aaatctccaa cgggacctcg 780

ggaggcagca gcaacgacaa cacctacttt ggctacagca ccccctgggg gtattttgac 840

tttaacagat tccactgcca cttttcacca cgcgactggc agcgactcat caacaacaac 900

tggggattcc ggcccaagaa gctcaacttc aagctcttca acatccaggt caaggaggtc 960

acccagaatg aaggcaccaa gaccaccgcc aataacctca ccagcacggt gcaggtcttt 1020

acggactcgg agtaccagct cccgtacgtg ctcggctctg cccaccaggg ctgcctgcct 1080

ccgttcccgg cggacgtgtt catgattccg cagtacgggt acctgacgct gaacaacggg 1140

agccaggccg tggggcgatc ctccttctac tgcctggagt actttccctc gcagatgctg 1200

agaacgggca acaactttac cttcagctac accttcgagg acgtgccctt ccacagcagc 1260

tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaacccgc tgattgacca gtacctgtac 1320

tacctgtctc ggactcagac caacgggacc aatgccacgc agactctgtt gtttgctcag 1380

gccgggcctc agaacatgtc ggctcaggcc aagaactggc tgcctggtcc ttgctatcgg 1440

cagcagcgcg tctctacggc agtgtcgcaa aacaacaaca gcaactttac ctggaccggg 1500

gcgaccaagt accacctgaa cggccgagac tccctggtga accccggtgt cgccatggca 1560

acgcacaagg acgacgagga gcgcttcttc ccgagcagcg gggtcctgat gtttggcaag 1620

cagggcgctg gaaaggacaa tgtcgagtac accaacgtga tgctcaccag cgaggaggag 1680

atcaagacca ccaaccctgt ggccacggag cagtacggtg tggtggctga caatctgcag 1740

cagaccaact cggctcccat tgtgggggca gtcaacagcc agggggcctt acccggtatg 1800

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcccatct gggccaagat cccgcatacg 1860

gacggcaact ttcacccgtc tcctctcatg ggcggctttg gactgaaaca cccgcctccc 1920

cagatcctga tcaaaaacac gccggtacct gcggatcccc cggtgaactt tacggacgct 1980

aagctggcga gtttcatcac gcagtacagc accgggcagg tcagcgtgga gattgagtgg 2040

gagctgcaga aggagaacag caagcgctgg aatcccgaga ttcagtacac ttccaattat 2100

tataaatcag ctaatgtgga ctttgccgtc aatgcagatg gtgtatatag cgaaccccgc 2160

cccattggca ctcgttacct cacccgtaat ctgtaa 2196

<210> 398

<211> 731

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 398

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Ser Gly Gln Gln
145 150 155 160

Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Pro Thr Gly Asp Ser Glu Ser
165 170 175

Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Ser Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser Gly
180 185 190

Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp
195 200 205

Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Val Ser Gly Asn Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser

245 250 255

Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Thr Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Asn

435 440 445

Gly Thr Asn Ala Thr Gln Thr Leu Leu Phe Ala Gln Ala Gly Pro Gln

450 455 460

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Thr Ala Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu

500 505 510

Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg

515 520 525

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly

530 535 540

Lys Asp Asn Val Glu Tyr Thr Asn Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Ser Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr

595 600 605

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Asn

645 650 655

Phe Thr Asp Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Ala

690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ala Asp Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 399

<211> 4404

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 399

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgagggca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaacggccag 480

ccgcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 540

ccccaacctc tcggagaacc tcccgccgcg ccctcaggtc tgggatctgg tacaatggct 600

gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 660

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 720

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 780

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 840

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 900

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 960

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1020

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1080

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1140

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1200

acgggcgata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1260

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1320

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1380

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1440

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1500

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1560

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1620

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1680

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1740

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 1800

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 1860

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 1920

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 1980

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2040

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2100

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2160

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaaatg gctgccgatg gttatcttcc agattggctc 2220

gaggacaacc tctctgaggg cattcgcgag tggtgggact tgaaacctgg agccccgaaa 2280

cccaaagcca accagcaaaa gcaggacgac ggccggggtc tggtgcttcc tggctacaag 2340

tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggggagcccg tcaacgcggc ggacgcagcg 2400

gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag cagctcaaag cgggtgacaa tccgtacctg 2460

cggtataacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtctgc aagaagatac gtcttttggg 2520

ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc aagaagcggg ttctcgaacc tctcggtctg 2580

gttgaggaag gcgctaagac ggctcctgga aagaagagac cggtagagcc atcaccccag 2640

cgttctccag actcctctac gggcatcggc aagaaaggcc agcagcccgc gaaaaagaga 2700

ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag tcagtgcccg accctcaacc aatcggagaa 2760

ccccccgcag gcccctctgg tctgggatct ggtacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca 2820

atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga gtgggtagtt cctcaggaaa ttggcattgc 2880

gattccacat ggctgggcga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg ggccctcccc 2940

acctacaaca accacctcta caagcaaatc tccaacggga cttcgggagg aagcaccaac 3000

gacaacacct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgactttaa cagattccac 3060

tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg attccggccc 3120

aagagactca acttcaagct cttcaacatc caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc 3180

accaagacca tcgccaataa ccttaccagc acgattcagg tctttacgga ctcggaatac 3240

cagctcccgt acgtcctcgg ctctgcgcac cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac 3300

gtcttcatga ttcctcagta cgggtacctg actctgaaca atggcagtca ggccgtgggc 3360

cgttcctcct tctactgcct ggagtacttt ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac 3420

tttgagttca gctaccagtt tgaggacgtg ccttttcaca gcagctacgc gcacagccaa 3480

agcctggacc ggctgatgaa ccccctcatc gaccagtacc tgtactacct gtctcggact 3540

cagtccacgg gaggtaccgc aggaactcag cagttgctat tttctcaggc cgggcctaat 3600

aacatgtcgg ctcaggccaa aaactggcta cccgggccct gctaccggca gcaacgcgtc 3660

tccacgacac tgtcgcaaaa taacaacagc aactttgcct ggaccggtgc caccaagtat 3720

catctgaatg gcagagactc tctggtaaat cccggtgtcg ctatggcaac ccacaaggac 3780

gacgaagagc gatttttcc gtccagcgga gtcttaatgt ttgggaaaca gggagctgga 3840

aaagacaacg tggactatag cagcgttatg ctaaccagtg aggaagaaat taaaaccacc 3900

aacccagtgg ccacagaaca gtacggcgtg gtggccgata acctgcaaca gcaaaacgcc 3960

gctcctattg taggggccgt caacagtcaa ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac 4020

cgggacgtgt acctgcaggg tcctatctgg gccaagattc ctcacacgga cggaaacttt 4080

catccctcgc cgctgatggg aggctttgga ctgaaacacc cgcctcctca gatcctgatt 4140

aagaatacac ctgttcccgc ggatcctcca actaccttca gtcaagctaa gctggcgtcg 4200

ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaaa 4260

gaaaacagca aacgctggaa cccagagatt caatacactt ccaactacta caaatctaca 4320

aatgtggact ttgctgttaa cacagatggc acttattctg agcctcgccc catcggcacc 4380

cgttacctca cccgtaatct gtaa 4404

<210> 400

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 400

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 401

<211> 3129

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 401

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagtttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aagacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg gggcgggcac ccgagattgc ttgctcggcc 780

tgcgatctgg tcaacgtgga cctagatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc 840

aggtatggct gccgatggtt atcttccaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat 900

tcgcgagtgg tgggacttga aacctggagc cccgaaaccc aaagccaacc agcaaaagca 960

ggacgacggc cggggtctgg tgcttcctgg ctacaagtac ctcggaccct tcaacggact 1020

cgacaagggg gagcccgtca acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta 1080

cgaccagcag ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga 1140

gtttcaggag cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt 1200

ccaggccaag aagcgggttc tcgaacctct cggtctggtt gaggaaggcg ctaagacggc 1260

tcctggaaag aagagaccgg tagagccatc accccagcgt tctccagact cctctacggg 1320

catcggcaag aaaggccagc agcccgcgaa aaagagactc aactttgggc agactggcga 1380

ctcagagtca gtgcccgacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcaggcc cctctggtct 1440

gggatctggt acaatggctg caggcggtgg cgctccaatg gcagacaata acgaaggcgc 1500

cgacggagtg ggtagttcct caggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag 1560

agtcatcacc accagcaccc gaacctgggc cctccccacc tacaacaacc acctctacaa 1620

gcaaatctcc aacgggactt cgggaggaag caccaacgac aacacctact tcggctacag 1680

caccccctgg gggtattttg actttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg 1740

gcagcgactc atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt 1800

caacatccag gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct 1860

taccagcacg attcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc 1920

tgcgcaccag ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatgattc ctcagtacgg 1980

gtacctgact ctgaacaatg gcagtcaggc cgtgggccgt tcctccttct actgcctgga 2040

gtactttcct tctcaaatgc tgagaacggg caacaacttt gagttcagct accagtttga 2100

ggacgtgcct tttcacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaaccc 2160

cctcatcgac cagtacctgt actacctgtc tcggactcag tccacgggag gtaccgcagg 2220

aactcagcag ttgctatttt ctcaggccgg gcctaataac atgtcggctc aggccaaaaa 2280

ctggctaccc gggccctgct accggcagca acgcgtctcc acgacactgt cgcaaaataa 2340

caacagcaac tttgcctgga ccggtgccac caagtatcat ctgaatggca gagactctct 2400

ggtaaatccc ggtgtcgcta tggcaaccca caaggacgac gaagagcgat tttttccgtc 2460

cagcggagtc ttaatgtttg ggaaacaggg agctggaaaa gacaacgtgg actatagcag 2520

cgttatgcta accagtgagg aagaaattaa aaccaccaac ccagtggcca cagaacagta 2580

cggcgtggtg gccgataacc tgcaacagca aaacgccgct cctattgtag gggccgtcaa 2640

cagtcaagga gccttacctg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc 2700

tatctgggcc aagattcctc acacggacgg aaactttcat ccctcgccgc tgatgggagg 2760

ctttggactg aaacacccgc ctcctcagat cctgattaag aatacacctg ttcccgcgga 2820

tcctccaact accttcagtc aagctaagct ggcgtcgttc atcacgcagt acagcaccgg 2880

acaggtcagc gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaaccc 2940

agagattcaa tacacttcca actactacaa atctacaaat gtggactttg ctgttaacac 3000

agatggcact tattctgagc ctcgccccat cggcacccgt tacctcaccc gtaatctgta 3060

attgcttgtt aatcaataaa ccggttgatt cgtttcagtt gaactttggt ctctgcgaag 3120

ggcgaattc 3129

<210> 402

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 402

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 403

<211> 733

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 403

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Arg Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly

260 265 270

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His

275 280 285

Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe

290 295 300

Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

305 310 315 320

Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

325 330 335

Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu

340 345 350

Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe

355 360 365

Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala
370 375 380
Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
385 390 395 400

Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
405 410 415
Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
420 425 430
Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
435 440 445
Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
450 455 460

Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480
Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser
485 490 495
Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
500 505 510
Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Gly Asp Glu
515 520 525

Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly
530 535 540
Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu
545 550 555 560
Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val
565 570 575
Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
580 585 590

Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605
Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly

610 615 620

Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro
645 650 655

Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670

Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys
690 695 700

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 404

<211> 2501

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 404

gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60

gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120

aaggccattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg cttgctcggc ctgcgatctg 180

gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa tgacttaaac caggtatggc 240

tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc tctgagggca ttcgcgagtg 300

gtgggacttg agacctggag ccccgaaacc caaagccaac cagcaaaagc aggacgacgg 360

ccggggtctg gtgcttcctg gctacaagta cctcggaccc ttcaacggac tcgacaaggg 420

agagccggtc aacgaggcag acgccgcggc cctcgagcac gacaaggcct acgacaagca 480

gctcgagcag ggggacaacc cgtacctcaa gtacaaccac gccgacgccg agtttcagga 540

gcgtcttcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg cgagcagtct tccaggccaa 600

gaagcgggtt ctcgaacctc tcggtctggt tgaggaaggc gctaagacgg ctcctggaaa 660
gaagagaccc atagaatccc ccgactcctc cacgggcatc ggcaagaaag gccagcagcc 720
cgctaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca gagtcagtgc ccgaccctca 780
accaatcgga gaacccccg caggcccctc tggtctggga tctggcacaa tggctgcagg 840
cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac ggagtgggta gttcctcagg 900
aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac 960
ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa atctccaacg ggacatcggg 1020

aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc ccctgggggt attttgactt 1080
taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag cgactcatca acaacaactg 1140
gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac atccaggtca aggaggtcac 1200
gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc agcacgattc aggtctttac 1260
ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg caccagggct gcctgcctcc 1320
gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac ctgactctga acaacggcag 1380
tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac tttccttctc aaatgctgag 1440

aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac gtgcctttc acagcagcta 1500
tgcgcacagc caaagcctgg accggctgat gaaccccctc atcgaccagt acctgtacta 1560
cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact cagcagttgc tattttctca 1620
ggccgggcct aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg ctacccgggc cctgctaccg 1680
gcagcaacgc gtctccacga cagtgtcgca aaataacaac agcaactttg cttggaccgg 1740
tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta aatcccggtg tcgctatggc 1800
aacgcacaag ggcgacgaag agcgattttt tccatccagc ggagtcttga tgtttgggaa 1860

acagggagct ggaaaagaca acgtagacta tagcagcgtt atgctaacca gtgaggaaga 1920
aatcaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc gtggtggccg ataacctgca 1980
acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt caaggagcct tacctggcat 2040
ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc tgggccaaga ttcctcacac 2100
ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt ggactgaaac acccgcctcc 2160
tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct ccaactacct tcagtcaagc 2220
caagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag gtcagcgtgg aaattgaatg 2280

ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgctg gaacccagag attcagtata cttccaacta 2340

ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag ggtacttatt cagagcctcg 2400

ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg 2460

ttgattcgtt tcagttgaac tttggtctca agggcgaatt c 2501

<210> 405

<211> 2187

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 405

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaaaggccag 480

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 540

ccccaacctc tcggagaacc tcccgccgcg ccctcaggtc tgggatctgg tacaatggct 600

gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 660

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 720

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 780

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 840

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 900

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 960

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1020

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1080

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1140

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1200

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1260

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1320

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1380

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1440

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1500

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1560

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg cgaaacgggg 1620

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1680

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1740

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc cagggggctc tgcccggcat ggtctggcag 1800

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 1860

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 1920

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 1980

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2040

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2100

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2160

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaa 2187

<210> 406

<211> 728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 406

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Glu Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 407
<211> 728
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 407

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145                 150                 155                 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
                165                 170                 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
            180                 185                 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
        195                 200                 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
    210                 215                 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225                 230                 235                 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
```

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 408

<211> 728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 408

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 409

<211> 733

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 409

Met Ala Ala Asp Gly His Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
260 265 270
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His
275 280 285

Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Ser Trp Gly Phe
290 295 300
Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320
Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
325 330 335
Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu
340 345 350

Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe
355 360 365
Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala
370 375 380
Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
385 390 395 400

Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
405 410 415

Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
420 425 430

Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
435 440 445

Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
450 455 460

Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480

Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser
485 490 495

Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
500 505 510

Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu
515 520 525

Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly
530 535 540

Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu
545 550 555 560

Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val
565 570 575

Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
580 585 590

Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
610 615 620

Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro

645 650 655

Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys

690 695 700

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu

705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 410

<211> 3113

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 410

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg cttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca gcatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtca tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gaccctcaac caatcggaga acccccccgca ggcccctctg gtctgggatc tggtacaatg 1440

gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtagt 1500

tcctcaggaa attggcattg cgattccaca tagctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560

acccgaacct gggccctccc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat ctccaacggg 1620

acatcgggag gaagcaccaa cgacaacacc tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740

aacagctggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgaagg caccaagacc atcgccaata accttaccag cacgattcag 1860

gtctttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc 1920

ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtacct gactctgaac 1980

aacggcagtc aggccgtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggagtactt tccttctcaa 2040

atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctaccagt ttgaggacgt gccttttcac 2100

agcagctacg cgcacagcca aagcctggac cggctgatga acccccctcat cgaccagtac 2160

ctgtactacc tgtctcggac tcagtccacg ggaggtaccg caggaactca gcagttgcta 2220

ttttctcagg ccgggcctaa taacatgtcg gctcaggcca aaaactggct acccgggccc 2280

tgctaccggc agcaacgcgt ctccacgaca ctgtcgcaaa ataacaacag caactttgct 2340

tggaccggtg ccaccaagta tcatctgaat ggcagagact ctctggtaaa tcccggtgtc 2400

gctatggcaa cgcacaagga cgacgaagag cgatttttc catccagcgg agtcttgatg 2460

tttgggaaac agggagctgg aaaagacaac gtggactata gcagcgttat gctaaccagt 2520

gaggaagaaa tcaaaaccac caacccagtg gccacagaac agtacggcgt ggtggccgat 2580

aacctgcaac agcaaaacgc cgctcctatt gtaggggccg tcaacagtca aggagcctta 2640

cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcctatctg ggccaagatt 2700

cctcacacgg acggcaactt tcatccttcg ccgctgatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

ccgcctcctc agatcctgat taagaataca cctgttcccg cggatcctcc aactaccttc 2820

agtcaagcca agctggcgtc gttcatcacg cagtacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2880

attgaatggg agctgcagaa agagaacagc aagcgctgga acccagagat tcagtatact 2940

tccaactact acaaatctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg tacttattca 3000

gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaacc tgtaattgcc tgttaatcaa 3060

taaaccggtt aattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttc 3113

<210> 411

<211> 731

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 411

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Arg Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Arg Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly
435 440 445

Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn
450 455 460
Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495
Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
500 505 510

Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
530 535 540
Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
545 550 555 560
Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
580 585 590
Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Ala Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
595 600 605
Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr
645 650 655

Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr
690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 412

<211> 3106

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 412

gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgattg 60

cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 120

cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgcgtggac caaaagtgca agtcgtccgc 180

ccagatcgac cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240

cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatttga 300

actcacccgc cgtctggagc atgactttgg caaggcgaca aagcaggaag tcaaagagtt 360

cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttctacg tcagaaaggg 420

tggagccaac aagagacccg cccccgatga cgcggataaa agcgagccca agcgggcccg 480

cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtgg actttgccga 540

caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 600
aacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga ccagagactg 660
ttcagaatgt ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 720
gaaactctgt gccattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 780
cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 840
gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 900
gcgagtggtg ggacttgaaa cctggagccc cgaaacccaa agccaaccag caaaagcagg 960

acgacggccg gggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 1020
acaagggaga gccggtcaac gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgac aaggcctacg 1080
acaagcagct cgagcagggg gacaacccgt acctcaagta caaccacgcc gacgccgagt 1140
ttcaggagcg tcttcaagaa gatacgtctt ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 1200
gggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 1260
ctggaaagaa gagacccata gaatcccccg actcctccac gggcatcggc aagaaaggcc 1320
agcagcccgc taaaaagaag ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag tcagtgcccg 1380

acccccaacc tctcggagaa cctcccgccg cgccctcagg tctgggatct ggtacaatgg 1440
ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga gtgggtaatg 1500
cctccggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc accaccagca 1560
cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcagata tcaagtcaga 1620
gcggggctac caacgacaac cacttcttcg gctacagcac cccctggggc tattttgact 1680
tcaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc aacaacaacc 1740
ggggattccg gcccagaaag ctgcggttca agttgttcaa catccaggtc aaggaggtca 1800

cgacgaacga cggcgttacg accatcgcta ataaccttac cagcacgatt caggtcttct 1860
cggactcgga gtaccaactg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc tgcctccctc 1920
cgttccctgc ggacgtgttc atgattcctc agtacggata tctgactcta aacaacggca 1980
gtcagtctgt gggacgttcc tccttctact gcctggagta ctttccttct cagatgctga 2040
gaacgggcaa taactttgaa ttcagctacc agtttgagga cgtgcccttt cacagcagct 2100
acgcgcacag ccaaagcctg gaccggctga tgaacccccc catcgaccag tacctgtact 2160
acctgtctcg gactcagtcc acgggaggta ccgcaggaac tcagcagttg ctattttctc 2220

aggccgggcc taataacatg tcggctcagg ccaaaaactg gctacccggg ccctgctacc 2280

ggcagcaacg cgtctccacg acactgtcgc aaaataacaa cagcaacttt gcttggaccg 2340

gtgccaccaa gtatcatctg aatggcagag actctctggt aaatcccggt gtcgctatgg 2400

caacgcacaa ggacgacgaa gagcgatttt ttccatccag cggagtcttg atgtttggga 2460

aacagggagc tggaaaagac aacgtggact atagcagcgt tatgctaacc agtgaggaag 2520

aaatcaaaac caccaaccca gtggccacag aacagtacgg cgtggtggcc gataacctgc 2580

aacagcaaaa cgccgctcct attgtagggg ccgtcaacag tcaaggagcc ttacctggca 2640

tggcctggca gaaccgggac gtgtacctgc agggtcctat ctgggccaag attcctcaca 2700

cggacggcaa ctttcatcct tcgccgctga tgggaggctt tggactgaaa cacccgcctc 2760

ctcagatcct gattaagaat acacctgttc ccgcggatcc tccaactacc ttcagtcaag 2820

ccaagctggc gtcgttcatc acgcagtaca gcaccggaca ggtcagcgtg gaaattgaat 2880

gggagctgca gaaagagaac agcaagcgct ggaacccaga gattcagtat acttccaact 2940

actacaaatc tacaaatgtg gactttgctg tcaatactga gggtacttat tcagagcctc 3000

gccccattgg cacccgttac ctcacccgta acctgtaatt gcctgttaat caataaaccg 3060

gttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc gaattc 3106

<210> 413

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 413

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 414

<211> 3197

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 414

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040
tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
aacagcaact ttgcttggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400

gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460
agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
gttatgctaa ccagtgagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580
ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640
agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760
tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880
caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940
gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000
gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa 3060
ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120
gcgaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gggttaattc tgagcttggc 3180
gtaatcatgg gtcatag 3197

<210> 415
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 415
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asp Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly

530 535 540

Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr

565 570 575

Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr

580 585 590

Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Asp Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 416

<211> 3276

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 416

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga attaaccggt ttattgatta 60

acaggcaatt acaggttacg ggtgaggtaa cgggtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acccccttcgt tgttgacagc aaattccaca ttattagact tggcataatt tgaggtgtac 180

tgaatctctg gattccagcg tttgctgttt tctttctgca gttcccactc gatctccacg 240

ctgacctggc cggtgctgta ctgcgtgata aatgaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300

tctggaggat tagcaggtac cggggtgttt ttgatgagaa tttgaggagg cgggtgtttg 360

agtccaaatc cgtccatcag gggagacggg tgaaagttgc cgtccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc gggcagagcc 480

ccctggctgt tgacagtctg tgtctggggt ccggccgtag acgattgcag gttgctggag 540

accacaccgt attcttctgt agccacggga ttggtggttt tgatctcctc ctcgctggtc 600

attagcacgt tttccagcgt tgtcttgttg gcagcccccg ttttgccaaa aaccagcact 660

ccgttgatgg gaaagaactg gtcctcgtcg tccttgttgg tggccatggc tacgcccggg 720

ttggttaatg aatttctacc attcagatgg tatttagtgg ccccggtcca ggcaaagtta 780

ctgttgttgt tgctgtctat gttttttgac agtctctgct gccgataaca gggtccgggc 840

agccagttct ttgattgctc ggccatggtg ttgggcccag cctgatggaa ctgcagctcc 900

cttgtggacc ccgtagtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgagg 960

ggattcatca gccggtccag gctctggcta tgcgcatagc tgctgtggaa aggcacttcc 1020

tcaaaggtgt agctgaattc aaagttattg cccgttctca gcatctgaga aggaaagtac 1080

tccaggcagt agaaggagga acgtcccaca gactgactgc cgttgtttag agtcagatat 1140

ccgtactgag gaatcatgaa cacgtccgca gggaacggag ggaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ttggtactcc gagtccgaga agacctgaat cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt aacgccgtcg tccgtcgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aacaacttga accgcagctt tctgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttaaagt caaaataccc ccaggggtg 1440

ctgtagccga agtaggtgtt gtcgttggtg cttcctcccg atgtcccgtt ggagatttgc 1500

ttgtagaggt ggttgttgta ggtggggagg gcccaggttc gggtgctggt ggtgatgact 1560

ctgtcgccca gccatgtgga atcgcaatgc caatttcctg aggaactacc cactccgtcg 1620

gcgccttcgt tattgtctgc cattggagcg ccaccgcctg cagccattgt accagatccc 1680

agaccagagg ggcctgcggg gggttctccg attggttgag ggtcgggcac tgactctgag 1740

tcgccagtct gcccaaagtt gagtctcttt ttcgcgggct gctggcctgt cttgccgatg 1800

cccgtagagg agtctggaga acgctggggt gatggctcta ccggtctctt ctttccagga 1860

gccgtcttag cgccttcctc aaccagaccg agaggttcga gaacccgctt cttggcctgg 1920

aagactgctc gcccgaggtt gcccccaaaa gacgtatctt cttgaagacg ctcctgaaac 1980

tcggcgtcgg cgtggttgta cttgaggtac gggttgtccc cctgctcgag ctgcttgtcg 2040

taggccttgt cgtgctcgag ggccgcggcg tctgcctcgt tgaccggctc tcccttgtcg 2100

agtccgttga agggtccgag gtacttgtag ccaggaagca ccagaccccg gccgtcgtcc 2160

tgcttttgct ggttggcttt gggtttcggg gctccaggtt tcaagtccca ccactcgcga 2220

atgccctcag agaggttgtc ctcgagccaa tctggaagat aaccatcggc agccatacct 2280

ggtttaagtc atttattgct cagaaacaca gtcatccagg tccacgttga ccagatcgca 2340

ggccgagcaa gcaatctcgg gagcccgccc cagcagatga tgaatggcac agagtttccg 2400

atacgtcctc tttctgacga ccggttgaga ttctgacacg ccggggaaac attctgaaca 2460

gtctctggtc ccgtgcgtga agcaaatgtt gaaattctga ttcattctct cgcatgtctt 2520

gcagggaaac agcatctgaa gcatgcccgc gtgacgagaa cacttgtttt ggtacctgtc 2580

ggcaaagtcc accggagctc cttccgcgtc tgacgtcgat ggatgcaaaa tgtcgcaaaa 2640

gcactcacgt gacagctaat acaggaccac tcccctatga cgtgatttac gtcagcgcta 2700

tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc ggagctcctt 2760

ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc tcgcttttat 2820

ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag aactcatgcg 2880

ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaactc tttgacttcc tgctttgtca 2940

ccttgccaaa gtcatgctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc cggtcctgca 3000

acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat cacggcgcac atgttggtgt 3060

tggaagtgac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga agacttgcac ttttggtcca 3120

cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg gccgtcatct 3180

tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga aagttctcat 3240

tggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3276

<210> 417

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 417

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 418

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 418

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 419
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 419
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 420
<211> 728
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 420

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Arg Lys Gly Gln
145                 150                 155                 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
                165                 170                 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
            180                 185                 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
        195                 200                 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
    210                 215                 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225                 230                 235                 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
```

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 421

<211> 2489

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 421

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtgaagt 120

ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180

atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcag gaaaggccag 720

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780

cctcaaccaa tcggagaacc ccccgcaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840

gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 1020

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 1080

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200

acgaacgacg gcgttacgac catcgccaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1260

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1320

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1380

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1440

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1500

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1560
ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1620
cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1680
agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1740
aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1800
aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1860
gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1920

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1980
gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 2040
aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 2100
tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 2160
atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 2220
tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2280
aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2340

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2400
acccgttacc tcacccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttaattcgtt 2460
tcagttgaac tttggtcaag ggcgaattc 2489

<210> 422
<211> 728
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 422

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Arg Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asp Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 423
<211> 3098
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 423

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accggagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaagggag agccggtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gaccctcaac caatcggaga acccccccgca ggcccctctg gtctgggatc tggtacaatg 1440

gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtaat 1500

gcctccggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560

acccgcacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcagat atcaagtcag 1620

agcggggcta ccaacgacaa ccacttcttc ggctacagca ccccctgggg ctattttgac 1680

ttcaacagat tccactgcca cttctcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 1740

tggggattcc ggcccagaaa gctgcggttc aagttgttca acatccaggt caaggaggtc 1800

acgacgaacg acggcgttac gaccatcgct aataacctta ccagcacgat tcaggtcttc 1860

tcggactcgg agtaccaact gccgtacgtc ctcggctctg cgcaccaggg ctgcctccct 1920

ccgttccctg cggacgtgtt catgattcct cagtacggat atctgactct aaacaacggc 1980

agtcagtctg tgggacgttc ctccttctac tgcctggagt actttccttc tcagatgctg 2040

agaacgggca ataactttga attcagctac acctttgagg aagtgccttt ccacagcagc 2100

tatgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaatcccc tcatcgacca gtacctgtac 2160

tacctggccc ggacccagag cactacgggg tccacaaggg agctgcagtt ccatcaggct 2220

gggcccaaca ccatggccga gcaatcaaag aactggctgc ccggaccctg ttatcggcgg 2280

cagagactgt caaaagacat agacagcaac aacaacagta actttgcctg gaccggggcc 2340

actaaatacc atctgaatgg tagaaattca ttaaccaacc cgggcgtagc catggccacc 2400

aacaaggacg acgaggacca gttctttccc atcaacggag tgctggtttt tggcaaaacg 2460

ggggctgcca acaagacaac gctggaaaac gtgctaatga ccagcgagga ggagatcaaa 2520

accaccaatc ccgtggctac agaagaatac ggtgtggtct ccagcaacct gcaatcgtct 2580

acggccggac cccagacaca gactgtcaac agccaggggg ctctgcccgg catggtctgg 2640

cagaaccggg acgtgtacct gcagggtccc atctgggcca aaattcctca cacggacggc 2700

aactttcacc cgtctcccct gatgggcgga tttggactca aacacccgcc tcctcaaatt 2760

ctcatcaaaa acaccccggt acctgctaat cctccagagg tgtttactcc tgccaagttt 2820

gcctcattta tcacgcagta cagcaccggc caggtcagcg tggagatcga gtgggaactg 2880

cagaaagaga acagcaaacg ctggaatcca gagattcagt acacctcaaa ttatgccaag 2940

tctaataatg tggaatttgc tgtcaacaac gaaggggttt atactgagcc tcgccccatt 3000

ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa ttacttgtta atcaataaac cggttgattc 3060

gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg gcgaattc 3098

<210> 424

<211> 685

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 424

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Gly Leu Gln Phe His
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly

530 535 540

Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr

565 570 575

Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr

580 585 590

Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys

645 650 655

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu

660 665 670

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

675 680 685

<210> 425

<211> 2969

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 425

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatc 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040
tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gacgaacccc 2160
ctcatcgacc agtacctgta ctacctggcc cggacccaga gcactacggg gtccacaagg 2220
gggctgcagt tccatcaggc tgggcccaac accatggccg agcaatcaaa gaactggctg 2280
cccggaccct gttatcggca gcagagactg tcaaaaaaca tagacagcaa caacaacagt 2340
aactttgcct ggaccggggc cactaaatac catctgaatg gtagaaattc attaaccaac 2400

ccgggcgtag ccatggccac caacaaggac gacgaggacc agttctttcc catcaacgga 2460
gtgctggttt ttggcaaaac gggggctgcc aacaagacaa cgctggaaaa cgtgctaatg 2520
accagcgagg aggagatcaa aaccaccaat cccgtggcta cagaagaata cggtgtggtc 2580
tccagcaacc tgcaatcgtc tacggccgga ccccagacac agactgtcaa cagccagggg 2640
gctctgcccg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 2700
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccgtctcccc tgatgggcgg atttggactc 2760
aaacacccgc ctcctcaaat tctcatcaag tatacttcca actactacaa atctacaaat 2820

gtggactttg ctgtcaatac tgagggtact tattcagagc ctcgccccat tggcacccgt 2880
tacctcaccc gtaacctgta attgcctgtt aatcaataaa ccggttaatt cgtttcagtt 2940
gaactttggt ctctgcgaag ggcgaattc 2969

<210> 426
<211> 733
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 426

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

```
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145                 150                 155                 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
                165                 170                 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
            180                 185                 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
        195                 200                 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp
    210                 215                 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225                 230                 235                 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
                245                 250                 255
Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
            260                 265                 270

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His
        275                 280                 285
```

Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe
290 295 300
Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320
Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
325 330 335

Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu
340 345 350
Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe
355 360 365
Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala
370 375 380
Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
385 390 395 400

Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
405 410 415
Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
420 425 430
Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
435 440 445
Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
450 455 460

Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480
Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser
485 490 495
Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
500 505 510
Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Gly Asp Glu
515 520 525

Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly

530 535 540

Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu
545 550 555 560

Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val
565 570 575

Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
580 585 590

Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
610 615 620

Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro
645 650 655

Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670

Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys
690 695 700

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Ser Leu
725 730

<210> 427

<211> 3113

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 427

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gaccctcaac caatcggaga acccccccgca ggcccctctg gtctgggatc tggtacaatg 1440

gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtagt 1500

tcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560

acccgaacct gggccctccc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat ctccaacggg 1620

acatcgggag gaagcaccaa cgacaacacc tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740

aacaactggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgaagg caccaagacc atcgccaata accttaccag cacgattcag 1860

gtctttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc 1920
ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtacct gactctgaac 1980
aacggcagtc aggccgtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggagtactt tccttctcaa 2040
atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctaccagt ttgaggacgt gccttttcac 2100
agcagctatg cgcacagcca aagcctggac cggctgatga acccccctcat cgaccagtac 2160
ctgtactacc tgtctcggac tcagtccacg ggaggtaccg caggaactca gcagttgcta 2220
ttttctcagg ccgggcctaa taacatgtcg gctcaggcca aaaactggct acccgggccc 2280

tgctaccggc agcaacgcgt ctccacgaca gtgtcgcaaa ataacaacag caactttgct 2340
tggaccggtg ccaccaagta tcatctgaat ggcagagact ctctggtaaa tcccggtgtc 2400
gctatggcaa cgcacaaggg cgacgaagag cgatttttc catccagcgg agtcttgatg 2460
tttgggaaac agggagctgg aaaagacaac gtggactata gcagcgttat gctaaccagt 2520
gaggaagaaa tcaaaaccac caacccagtg gccacagaac agtacggcgt ggtggccgat 2580
aacctgcaac agcaaaacgc cgctcctatt gtaggggccg tcaacagtca aggagcctta 2640
cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcctatctg ggccaagatt 2700

cctcacacgg acggcaactt tcatccttcg ccgctgatgg gaggctttgg actgaaacac 2760
ccgcctcctc agatcctgat taagaataca cctgttcccg cggatcctcc aactaccttc 2820
agtcaagcca agctggcgtc gttcatcacg cagtacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2880
attgaatggg agctgcagaa agagaacagc aagcgctgga acccagagat tcagtatact 2940
tccaactact acaaatctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg tacttattca 3000
gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtagcc tgtaattgcc tgttaatcaa 3060
taaaccggtt gattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttc 3113

<210> 428
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 428
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 429

<211> 3128

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 429

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcgcggg accagagact 660

gttcagaatg tttcccgggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcccgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgcg gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcat agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220

actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280

tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340

aacagcaact ttgcttggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400

gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460

agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520

gttatgctaa ccagtgagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640

agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940

gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000

gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa 3060

ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120

gcgaattc 3128

<210> 430

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 430

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 431

<211> 1933

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (1302)..(1302)

<223> a, c, t, or g

<400> 431

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt caccttttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat gnaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 432

<211> 733

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 432

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190
Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala

195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr
245 250 255
Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Ser Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Gly Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala Tyr Ser Gln Ser Pro Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
530 535 540
Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu
545 550 555 560
Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
565 570 575
Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590
Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605
Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly
610 615 620
His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640
Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655
Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg
675 680 685
Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn
690 695 700
Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720
Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 433
<211> 3105
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 433

gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 60

acaagatggt gatctggtgg gaggagggca agatgaccgc caaggtcgtg gagtccgcca 120

aggccattct gggcggaagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtca tcggcccaga 180

tcgaccccac gcccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg atcgacggga 240

acagcaccac cttcgagcac cagcagccgc tgcaggaccg catgttcaag ttcgagctca 300

cccgccgtct ggagcacgac tttggcaagg tgaccaagca ggaagtcaaa gagttcttcc 360

gctgggctca ggatcacgtg actgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggcggag 420

ccaccaaaag acccgccccc agtgacgcgg atataagcga gcccaagcgg gcctgcccct 480

cagttgcgga gccatcgacg tcagacgcgg aagcaccggt ggactttgcg gacaggtacc 540

aaaacaaatg ttctcgtcac gcgggcatgc ttcagatgct gtttccctgc aagacatgcg 600

agagaatgaa tcagaatttc aacgtctgct tcacgcacgg ggtcagagac tgctcagagt 660

gcttccccgg cgcgtcagaa tctcaacccg tcgtcagaaa aaagacgtat cagaaactgt 720

gcgcgattca tcatctgctg gggcgggcac ccgagattgc gtgttcggcc cgcgatctcg 780

tcaacgtgga cttggatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc aggtatggct 840

gctgacggtt atcttccaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat tcgcgagtgg 900

tgggacctga aacctggagc ccccaagccc aaggccaacc agcagaagca ggacgacggc 960

cggggtctgg tgcttcctgg ctacaagtac ctcggaccct tcaacggact cgacaagggg 1020

gagcccgtca acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta cgaccagcag 1080

ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga gtttcaggag 1140

cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt ccaggccaag 1200

aagagggtac tcgaacctct gggcctggtt gaagaaggtg ctaagacggc tcctggaaag 1260

aagagaccgt tagagtcacc acaagagccc gactcctcct caggaatcgg caaaaaaggc 1320

aaacaaccag ccaaaaagag actcaacttt gaagaggaca ctggagccgg agacggaccc 1380

cctgaaggat cagataccag cgccatgtct tcagacattg aaatgcgtgc agcaccgggc 1440

ggaaatgctg tcgatgcggg acaaggttcc gatggagtgg gtaatgcctc gggtgattgg 1500

cattgcgatt ccacctggtc tgagggcaag gtcacaacaa cctcgaccag aacctgggtc 1560

ttgcccacct acaacaacca cttgtacctg cggctcggaa caacatcaaa cagcaacacc 1620

tacaacggat tctccacccc ctggggatac tttgacttta acagattcca ctgtcacttc 1680

tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac aacaactggg gactacgacc aaaagccatg 1740

cgcgttaaaa tcttcaatat ccaagttaag gaggtcacaa cgtcgaacgg cgagactacg 1800

gtcgctaata accttaccag cacggttcag atatttgcgg actcgtcgta tgagctcccg 1860

tacgtgatgg acgctggaca agagggaagt ctgtctcctt tccccaatga cgtcttcatg 1920

gtgcctcaat atggctactg tggcattgtg actggcgaaa atcagaacca gacggacaga 1980

aatgctttct actgcctgga gtattttcct tcacaaatgc tgagaactgg caataacttt 2040

gaaatggctt acaactttgg gaaggtgccg ttccactcaa tgtatgctta cagccagagc 2100

ccggacagac tgatgaatcc cctcctggac cagtacctgt ggcacttaca gtcgaccacc 2160

tctggagaga ctctgaatca aggcaatgca gcaaccacat ttggaaaaat caggagtgga 2220

gactttgcct tttacagaaa gaactggctg cctgggcctt gtgttaaaca gcagagactc 2280

tcaaaaactg ccagtcaaaa ttacaagatt cctgccagcg ggggcaacgc tctgttaaag 2340

tatgacaccc actatacctt aaacaaccgc tggagcaaca tagcgcctgg acctccaatg 2400

gcaacagctg gaccttcaga tggggacttc agcaacgccc agctcatctt ccctggacca 2460

tcagtcaccg gaaacacaac aacctcagca aacaatctgt tgtttacatc agaagaagaa 2520

attgctgcca ccaacccaag agacacggac atgtttggtc agattgctga caataatcag 2580

aatgctacaa ctgctcccat aaccggcaac gtgactgcta tgggagtgct tcctggcatg 2640

gtgtggcaaa acagagacat ttactaccaa gggccaattt gggccaagat cccacacgcg 2700

gacggacatt ttcatccttc accgctaatt ggcggttttg gactgaaaca tccgcctccc 2760

cagatattta tcaaaaacac ccccgtacct gccaatcctg cgacaacctt cactgcagcc 2820

agagtggact ctttcatcac acaatacagc accggccagg tcgctgttca gattgaatgg 2880

gaaatcgaaa aggaacgctc caaacgctgg aatcctgaag tgcagtttac ttcaaactat 2940

gggaaccagt cttctatgtt gtgggctccc gatacaactg ggaagtatac agagccgcgg 3000

gttattggct ctcgttattt gactaatcat ttgtaactgc ctagttaatc aataaaccgt 3060

gtgattcgtt tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg aattc 3105

<210> 434

<211> 733

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 434

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190
Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr

245 250 255

Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser
515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu
545 550 555 560

Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly
610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala
645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg
675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn
690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu
705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 435

<211> 3105

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 435

gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 60

acaagatggt gatctggtgg gaggagggca agatgaccgc caaggtcgtg gagtccgcca 120

aggccattct gggcggaagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtca tcggcccaga 180

tcgaccccac gcccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg atcgacggga 240

acagcaccac cttcgagcac cagcagccgc tgcaggaccg catgttcaag ttcgagctca 300

cccgccgtct ggagcacgac tttggcaagg tgaccaagca ggaagtcaaa gagttcttcc 360

gctgggctca ggatcacgtg actgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggcggag 420

ccaccaaaag acccgccccc agtgacgcgg atataagcga gcccaagcgg gcctgcccct 480

cagttgcgga gccatcgacg tcagacgcgg aagcaccggt ggactttgcg gacaggtacc 540

aaaacaaatg ttctcgtcac gcgggcatgc ttcagatgct gtttccctgc aagacatgcg 600

agagaatgaa tcagaatttc aacgtctgct tcacgcacgg ggtcagagac tgctcagagt 660

gcttccccgg cgcgtcagaa tctcaacccg tcgtcagaaa aaagacgtat cagaaactgt 720

gcgcgattca tcatctgctg gggcgggcac ccgagattgc gtgttcggcc tgcgatctcg 780

tcaacgtgga cttggatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc aggtatggct 840

gctgacggtt atcttccaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat tcgcgagtgg 900

tgggacctga aacctggagc ccccaagctc aaggccaacc agcagaagca ggacgacggc 960

cggggtctgg tgcttcctgg ctacaagtac ctcggaccct tccacggact cgacaagggg 1020

gagcccgtca acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta cgaccagcag 1080

ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga gtttcaggag 1140

cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt ccaggccaag 1200

aagagggtac tcgaaccact gggcctggtt gaagaaggtg ctaagacggc tcctggaaag 1260

aagagaccgt tagagtcacc acaagagccc gactcctcct caggaatcgg caaaaaaggc 1320

aaacaaccag ccaaaaagag actcaacttt gaagaggaca ctggagccgg agacggaccc 1380

cctgaaggat cagataccag cgccatgtct tcagacattg aaatgcgtgc agcaccgggc 1440

ggaaatgctg tcgatgcggg acaaggttcc gatggagtgg gtaatgcctc gggtgattgg 1500

cattgcgatt ccacctggtc tgagggcaag gtcacaacaa cctcgaccag aacctgggtc 1560

ttgcccacct acaacaacca cttgtacctg cggctcggaa caacatcaaa cagcaacacc 1620

tacaacggat tctccacccc ctggggatac tttgacttta acagattcca ctgtcacttc 1680

tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac aacaactggg gactacgacc aaaagccatg 1740

cgcgttaaaa tcttcaatat ccaagttaag gaggtcacaa cgtcgaacgg cgagactacg 1800

gtcgctaata accttaccag cacggttcag atatttgcgg actcgtcgta tgagctcccg 1860

tacgtgatgg acgctggaca agagggaagt ctgcctcctt tccccaatga cgtcttcatg 1920

gtgcctcaat atggctactg tggcattgtg actggcgaaa atcagaacca gacggacaga 1980

aatgctttct actgcctgga gtattttcct tcacaaatgc tgagaactgg caataacttt 2040

gaaatggctt acaactttga gaaggtgccg ttccactcaa tgtatgctca cagccagagc 2100

ctggacagac tgatgaatcc cctcctggac cagtacctgt ggcacttaca gtcgaccacc 2160

tctggagaga ctctgaatca aggcaatgca gcaaccacat ttggaaaaat caggagtgga 2220

gactttgcct tttacagaaa gaactggctg cctgggcctt gtgttaaaca gcagagattc 2280

tcaaaaactg ccagtcaaaa ttacaagatt cctgccagcg ggggcaacgc tctgttaaag 2340

tatgacaccc actatacctt aaacaaccgc tggagcaaca tagcgcctgg acctccaatg 2400

gcaacagctg gaccttcaga tggggacttc agcaacgccc agctcatctt ccctggacca 2460

tcagtcaccg gaaacacaac aacctcagca aacaatctgt tgtttacatc agaaggagaa 2520

attgctgcca ccaacccaag agacacggac atgtttggtc agattgctga caataatcag 2580

aatgctacaa ctgctcccat aaccggcaac gtgactgcta tgggagtgct tcctggcatg 2640

gtgtggcaaa acagagacat ttactaccaa gggccaattt gggccaagat cccacacgcg 2700

gacggacatt ttcatccttc accgctaatt ggcggttttg gactgaaaca tccgcctccc 2760

cagatattta tcaaaaacac ccccgtacct gccaatcctg cgacaacctt cactgcagcc 2820

agagtggact ctttcatcac acaatacagc accggccagg tcgctgttca gattgaatgg 2880

gaaatcgaaa aggaacgctc caaacgccgg aatcctgaag tgcagtttac ttcaaactat 2940

gggaaccagt cttctatgtt gtgggctccc gatacaactg ggaagtatac agagccgcgg 3000

gttattggct ctcgttattt gactaatcat ttgtaactgc ctagttaatc aataaaccgt 3060

gtgattcgtt tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg aattc 3105

<210> 436

<211> 733

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 436

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Glu Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205

Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr

245 250 255

Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Thr Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Gly Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln
465 470 475 480
Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly
485 490 495
Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
500 505 510
Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser
515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
530 535 540
Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu
545 550 555 560
Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
565 570 575
Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605
Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly
610 615 620
His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640
Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Tyr Pro Ala
645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg
675 680 685
Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Cys Gly Asn
690 695 700
Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 437

<211> 3105

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 437

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcacacggt ttattgatta 60

actaggcagt tacaaatgat tagtcaaata acgagagcca ataacccgcg gctctgtata 120

cttcccagtt gtatcgggag cccacaacat agaagactgg ttcccacagt ttgaagtaaa 180

ctgcacttca ggattccagc gtttggagcg ttccttttcg atttcccatt caatctgaac 240

agcgacctgg ccggtgctgt attgtgtgat gaaagagtcc actctggctg cagtgaaggt 300

tgtcgcagga taggcaggta cgggggtgtt tttgataaat atctggggag gcggatgttt 360

cagtccaaaa ccgccaatta gcggtgaagg atgaaaatgt ccgtccgcgt gtgggatctt 420

ggcccaaatt ggcccttggt agtaaatgtc tctgttttgc cacaccatgc caggaagcac 480

tcccatagca gtcacgttgc cggttatggg agcagttgta gcattctgat tattgtcagc 540

aatctgacca aacatgtccg tgtctcttgg gttggtggca gcaatttctt cttctgatgt 600

aaacaacaga ttgtttgctg aggttgttgt gtttccggtg actgatggtc cagggaagat 660

gagctgggcg ttgctgaagt ccccatctga aggtccagct gttgccattg gaggtccagg 720

cgctatgttg ctccagcggt tgtttaaggt atagtgggtg tcatacttta acagagcgtt 780

gcccccgctg gcaggaatct tgtaattttg actggcagtt tttgagaatc tctgctgttt 840

aacacaaggc ccaggcagcc agttctttct gtaaaaggca aagtctccac tcctgatttt 900

tccaaatgtg gttgctgcat tgccttgatt cagagtctct ccagaggtgg tcgactgtaa 960

gtgccacagg tactggtcca ggaggggatt catcagtccg tccaggctct ggctgtgagc 1020

atacattgag tggaacggca ccttctcaaa gttgtaagcc gtttcaaagt tattgccagt 1080

tctcagcatt tgtgaaggaa aatactccag gcagtagaaa gcatttctgt ccgtctggtt 1140

ctgattttcg ccagtcacaa tgccacagta gccatattga ggcaccatga agacgtcatt 1200

ggggaaagga ggcagacttc cctcttgtcc agcgtccatc acgtacggga gctcatacga 1260

cgagtccgca aatatctgaa ccgtgctggt aaggttatta gcgaccgtag tctcgccgtt 1320

cgacgttgtg acctccttaa cttggatatt gaagatttta acgcgcatgg cttttggtcg 1380

tagtccccag ttgttgttga tgagtctttg ccagtcacgt ggtgagaagt gacagtggaa 1440

tctgttaaag tcaaagtatc cccaggggggt ggagaatccg ttgtaggtgt tgctgtttga 1500

tgttgttccg agccgcaggt acaagtggtt gttgtaggtg ggcaagaccc aggttctggt 1560

cgaggttgtt gtgaccttgc cctcagacca ggtggaatcg caatgccaat cacccgaggc 1620

attacccact ccatcggaac cttgtcccgc atcgacagca tttccgcccg gtgctgcacg 1680

catttcaatg tctgaagaca tggcgctggt atctgatcct tcaggggggtc cgtctccggc 1740

tccagtgtcc tcttcaaagt tgagtctctt tttggctggt tgtttgcctt ttttgccgat 1800

tcctgaggag gagtcgggct cttgtggtga ctctaacggt ctcttctttc caggagccgt 1860

cttagcacct tcttcaacca ggcccagagg ttcgagtacc ctcttcttgg cctggaagac 1920

tgctcgcccg aggttgcccc caaaagacgt atcttcttgc agacgctcct gaaactcggc 1980

gtcggcgtgg ttataccgca ggtacggatt gtcacccgct ttgagctgct ggtcgtaggc 2040

cttgtcgtgc tcgagggccg ctgcgtccgc cgcgttgacg ggctcccccct tgtcgagtcc 2100

gttgaagggt ccgaggtact cgtagccagg aagcaccaga ccccggccgt cgtcctgctt 2160

ctgctggttg gccttgggct tgggggctcc aggtttcagg tcccaccact cgcgaatgcc 2220

ctcagagagg ttgtcctcga gccaatctgg aagataaccg tcagcagcca tacctggttt 2280

aagtcattta ttgctcagaa acacagtcat ccaagtccac gttgacgaga tcgcaggccg 2340

aacacgcaat ctcgggtgcc cgccccagca gatgatgaat cgcgcacagt ttctgatacg 2400

tctttttttct gacgacgggt tgagattctg acgcgccggg gaagcactct gagcagtctc 2460

tgaccccgtg cgtgaagcag acgttgaaat tctgattcat tctctcgcat gtcttgcagg 2520

gaaacagcat ctgaagcatg cccgcgtgac gagaacattt gttttggtac ctgtccgcaa 2580

ggtccaccgg tgcttccgcg tctgacgtcg atggctccgc aactgagggg caggcccgct 2640

tgggctcgct tatatccgcg tcactggggg cgggtctttt ggtggctccg ccctttctga 2700

cgtagaactc atgcgccacc tcagtcacgt gatcctgagc ccagcggaag aactctttga 2760

cttcctgctt ggtcaccttg ccaaagtcgt gctccagacg gcgggtgagc tcgaacttga 2820

acatgcggtc ctgcagcggc tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg 2880

cgcacatgtt ggtgttggag gtgacgatca cgggcgtggg gtcgatctgg gccgatgact 2940

tgcacttttg gtccacgcgc accttgcttc cgcccagaat ggccttggcg gactccacga 3000

ccttggcggt catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga 3060

agggaaagtt ctcattggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3105

<210> 438

<211> 729

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 438

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285
Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300

Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350
Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415
Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480

Gln Gly Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575

Leu Gln Pro Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700
Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720
Gly Thr Arg Tyr Leu Pro Arg Asn Leu
725

<210> 439
<211> 3094
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<
400> 439
gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca agagaacttt cccttcaacg attgcgtcga 60
caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc aaggtcgtgg agtccgccaa 120
agccattctg ggcggaagca aggtgcgcgt cgaccaaaag tgcaagtcct cggcccagat 180
cgatcccacc cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg tgcgccgtga tcgacgggaa 240
cagcaccacc ttcgagcacc agcagccgtt gcaggaccgg atgttcaaat ttgaactcac 300
ccgccgtctg gaacacgact ttggcaaggt gaccaagcag gaagtcaaag agttcttccg 360
ctgggctagt gatcacgtga ctgaggtgac gcatgagttc tacgtcagaa agggcggagc 420

cagcaaaaga cccgcccccg atgacgcgga tataagcgag cccaagcggg cctgtccctc 480
agtcacggac ccatcgacgt cagacgcgga aggagctccg gtggactttg ccgacaggta 540
ccaaaacaaa tgttctcgtc acgcgggcat gcttcagatg ctgtttccct gcaaaacgtg 600
cgagagaatg aatcagaatt tcaacatttg cttcacgcac ggggtcagag actgtttaga 660
atgtttcccc ggcgtgtcag aatctcaacc ggtcgtcaga aaaaagacgt atcggaagct 720
gtgtgcgatt catcatctgc tggggcgggc acccgagatt gcttgctcgg cctgcgacct 780
ggtcaacgtg gacctggacg actgtgtttc tgagcaataa atgacttaaa ccgggtatgg 840

ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc attcgcgagt 900

ggtgggacct gaaacctgga gccccgaaac ccaaagccaa ccagcaaaag caggacgacg 960

gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga ctcgacaagg 1020

gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc 1080

agctcaaagc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgccgacgcc gagtttcagg 1140

agcgtctgca agaagatacg tcatttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc ttccaggcca 1200

agaagcgggt tctcgaacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg gctcctggaa 1260

agaagagacc catagactct ccagactcct ccacgggcat cggcaaaaaa ggccagcagc 1320

ccgctaaaaa gaagctcaat tttggtcaga ctggcgactc agagtcagtc cccgaccctc 1380

aacctcttgg agaacctcca gcagcgccct ctagtgtggg atctggtaca atggctgcag 1440

gcggtggcgc accaatggca gacaataacg aaggtgccga cggagtgggt aatgcctcag 1500

gaaattggca ttgcgattcc acatggctgg gcgacagagt catcaccacc agcaccagaa 1560

cctgggccct ccccacctac aacaaccacc tctacaagca aatctccagc agcagctcag 1620

gagccaccaa tgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat tttgacttta 1680

acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac aacaactggg 1740

gattccggcc caagaagctg cggttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag gaggtcacaa 1800

cgaatgacgg cgtcacgacc atcgctaata accttaccag cacggttcag gtcttctcgg 1860

actcggaata ccagctgccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc ctgcctccgt 1920

tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acggctacct gactctgaac aacggcagcc 1980

aatcggtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggaatattt cccctctcaa atgctgagaa 2040

cgggcaacaa ctttgagttc agttacagct tcgaggacgt gcctttccac agcagctacg 2100

cgcacagcca gagcctagac cggctgatga accctctcat cgaccagtac ctgtactacc 2160

tggcccggac ccagagcacc acgggttcca ccagggaact gcaatttcat caagctgggc 2220

ccaatactat ggccgagcag tcaaagaact ggctgcctgg accctgctat aggcaacagg 2280

gactgtcaaa gaacttggac tttaacaaca acagcaattt tgcctggact gctgccacta 2340

aatatcatct gaatggcaga aactctttga ccaatcctgg cattcccatg gcaaccaaca 2400

aggatgatga ggaccagttc tttcccatca acggggtact ggtttttggc aagacgggag 2460

ctgccaacaa aactacgctg gaaaacgttc tgatgaccag cgaggaggag atcaagacca 2520

ctaaccctgt ggctacagaa gaatacggtg tggtctccag caacctgcag ccgtctacag 2580

ccgggcctca atcacagact atcaacagcc agggagcact gcctggcatg gtctggcaga 2640

accgggacgt gtatctgcag ggtcccatct gggccaaaat tcctcacacg gatggcaact 2700

ttcacccgtc tcctctgatg ggcggttttg gactcaaaca cccgcctcca cagatcctga 2760

tcaaaaacac acctgtacct gctaatcctc cggaggtgtt tactcctgcc aagtttgcct 2820

ccttcatcac gcagtacagc accggacaag tcagcgtgga aatcgagtgg gagctgcaga 2880

aagaaaacag caagcgctgg aacccagaaa ttcagtatac ttccaattat gccaagtcta 2940

ataatgttga atttgctgtg aaccctgatg gtgtttatac tgagcctcgc cccattggca 3000

ctcgttacct cccccgtaat ctgtaattgc ttgttaatca ataaaccggt tgattcgttt 3060

cagttgaact ttggtctctg cgaagggcga attc 3094

<210> 440

<211> 1458

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 440

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285
Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300
Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350
Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile

625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr

645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp

675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val

690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu

725 730 735

Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp

740 745 750

Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln

755 760 765

Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro

770 775 780

Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala

785 790 795 800

Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp

805 810 815

Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg

820 825 830

Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe

835 840 845

Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly

850 855 860

Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Ile Gly Ser Pro Asp Ser

865 870 875 880

Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu
885 890 895
Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro
900 905 910

Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met
915 920 925
Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp
930 935 940
Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu
945 950 955 960
Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr
965 970 975

Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala
980 985 990
Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe
995 1000 1005
Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
1010 1015 1020
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg
1025 1030 1035

Phe Lys Leu Leu Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp
1040 1045 1050
Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val
1055 1060 1065
Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala
1070 1075 1080
His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
1085 1090 1095

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asp Asn Gly Ser Gln Ser Val
1100 1105 1110
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met

1115 1120 1125

Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp

1130 1135 1140

Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

1145 1150 1155

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

1160 1165 1170

Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln

1175 1180 1185

Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro

1190 1195 1200

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe

1205 1210 1215

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His

1220 1225 1230

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala

1235 1240 1245

Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val

1250 1255 1260

Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu

1265 1270 1275

Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro

1280 1285 1290

Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser

1295 1300 1305

Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln Gly Ala

1310 1315 1320

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

1325 1330 1335

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro

1340 1345 1350

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln
1355 1360 1365
Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val
1370 1375 1380
Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
1385 1390 1395

Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
1400 1405 1410
Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala
1415 1420 1425
Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
1445 1450 1455

<210> 441
<211> 3095
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 441
gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60
acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgagtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120
acaccatcag ggttcacagc aaattcaaca ttattagact tggcataatt ggaagtatac 180
tgaatttctg ggttccagcg cttgctgttt tctttctgca gctcccactc gatttccacg 240
ctgacttgtc cggtgctgta ctgcgtgatg aaggaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300

tccggaggat tagcaggtac aggtgtgttt ttgatcagga tctgtggagg cgggtgtttg 360
agtccaaaac cgcccatcag aggagacggg tgaaagttgc catccgtgtg aggaattttg 420
gcccagatgg gaccctgcag atacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggcagtgct 480
ccctggctgt tgatagtctg tgattgaggc ccggctgtag acgactgcag gttgctggag 540
accacaccgt attcttctgt agccacaggg ttagtggtct tgatctcctc ctcgctggtc 600

atcagaacgt tttccagcgt agttttgttg gcagctcccg tcttgccaaa aaccagtacc 660

ccgttgatgg gaaagaactg gtcctcatca tccttgttgg ttgccatggg aatgccagga 720

ttggtcaaag agtttctgcc attcagatga tatttagtgg cagcagtcca ggcaaaattg 780

ctgttgttgt taaagtccaa gttctttgac agtctctgtt gcctatagca gggtccaggc 840

agccagttct ttgactgctc ggccatagta ttgggcccag cttgatgaaa ttgcagttcc 900

ctggtggaac ccgtggtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgaga 960

gggttcatca gccggtctag gctctggctg tgcgcgtagc tgctgtggaa aggcacgtcc 1020

tcgaagctgt aactgaactc aaagttgttg cccgttctca gcatttgaga ggggaaatat 1080

tccaggcagt agaaggagga acggcccacc gattggctgc cgttgtccag agtcaggtag 1140

ccgtactgag gaatcatgaa gacgtccgcc gggaacggag gcaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ctggtattcc gagtccgaga agacctgaac cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt gacgccgtca ttcgttgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aggagcttga accgcagctt cttgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttaaagt caaaataccc ccaggggtg 1440

ctgtagccga agtagtggtt gtcattggtg gctcctgagc tgctgctgga gatttgcttg 1500

tagaggtggt tgttgtaggt ggggagggcc caggttctgg tgctggtggt gatgactctg 1560

tcgcccagcc atgtggaatc gcaatgccaa tttcctgagg cattacccac tccgtcggca 1620

ccttcgttat tgtctgccat tggtgcgcca ccgcctgcag ccattgtacc agatcccaca 1680

ctagagggcg ctgctggagg ttctccaaga ggttgagggt cggggactga ctctgagtcg 1740

ccagtctgac caaaattgag cttcttttta gcgggctgct ggccttttt gccgatgccc 1800

gtggaggagt ctggagagcc tatgggtctc ttctttccag gagccgtctt agcgccttcc 1860

tcaaccagac cgagaggttc gagaacccgc ttcttggcct ggaagactgc tcgcccgagg 1920

ttgcccccaa atgacgtatc ttcttgcaga cgctcctgaa actcggcgtc ggcgtggtta 1980

taccgcaggt acggattgtc acccgctttg agctgctggt cgtaggcctt gtcgtgctcg 2040

agggccgctg cgtccgccgc gttgacgggc tccccttgt cgagtccgtt gaagggtccg 2100

aggtacttgt agccaggaag caccagaccc cggccgtcgt cctgcttttg ctggttggct 2160

ttgggtttcg gggctccagg tttcaggtcc caccactcgc gaatgccctc agagaggttg 2220

tcctcgagcc aatctggaag ataaccatcg gcagccatac ctggtttaag tcatttattg 2280

ctcagaaaca cagtcgtcca ggtccacgtt gaccaggtcg caggccgagc aagcaatctc 2340

gggtgcccgc cccagcagat gatgaatcgc acacagcttc cgatacgtct tttttctgac 2400

gaccggttga gattctgaca cgccggggaa acattctaaa cagtctctga ccccgtgcgt 2460
gaagcaaatg ttgaaattct gattcattct ctcgcacgtt ttgcagggaa acagcacctg 2520
aagcatgccc gcgtgacgag aacatttgtt ttggtacctg tcggcaaagt ccaccggagc 2580
tccttccgcg tctgacgtcg atgggtccgt gactgaggga cgggcccgct tgggctcgct 2640
tatatccgcg tcatcggggg cgggtctttt gctggctccg ccctttctga cgtagaactc 2700
atgcgtcacc tcagtcacgt gatcactagc ccagcggaag aactctttga cttcctgctt 2760
tgtcaccttg ccaaagtcgt gttccagacg gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc 2820

ctgcaacggt tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg cgcacatgtt 2880
ggtgttggag gtgacgatca cgggggtggg atcgatctgg gcggacgact tgcacttttg 2940
gtccacgcgc accttgctgc cgccgagaat ggccttggcg gactccacga ccttggccgt 3000
catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga agggaaagtt 3060
ctcattggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3095

<210> 442
<211> 3095
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 442

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60
acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgagtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120
acaccatcag ggttcacagc aaattcaaca ttattagact tggcataatt ggaagtatac 180
tgaatttctg ggttccagcg cttgctgttt tctttctgca gctcccactc gatttccacg 240
ctgacttgtc cggtgctgta ctgcgtgatg aaggaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300
tccggaggat tagcaggtac aggtgtgttt ttgatcagga tctgtggagg cgggtgttcg 360
agtccaaaac cgcccatcag aggagacggg tgaaagttgc catccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag atacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggcagtgct 480
ccctggctgt tgatagtctg tgattgaggc ccggctgtag acgactgcag gttgctggag 540
accacaccgt attcttctgt agccacaggg ttagtggtct tgatctcctc ctcgctggtc 600

atcagaacgt tttccagcgt agttttgttg gcagctcccg tcttgccaaa aaccagtacc 660

ccgttgatgg gaaagaactg gtcctcatca tccttgttgg ttgccatggg aatgccagga 720

ttggtcaaag agtttctgcc attcagatga tatttagtgg cagcagtcca ggcaaaattg 780

ctgttgttgt taaagtccaa gttctttgac agtctctgtt gcctatagca gggtccaggc 840

agccagttct ttgactgctc ggccatagta ttgggcccag cttgatgaaa ttgcagttcc 900

ctggtggaac ccgtggtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgaga 960

gggttcatca gccggtctag gctctggctg tgcgcgtagc tgctgtggaa aggcacgtcc 1020

tcgaagctgt aactgaactc aaagttgttg cccgttctca gcatttgaga ggggaaatat 1080

tccaggcagt agaaggagga acggcccacc gattggctgc cgttgttcag agtcaggtag 1140

ccgtactgag gaatcatgaa gacgtccgcc gggaacggag gcaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ctggtattcc gagtccgaga agacctgaac cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt gacgccgtca ttcgttgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aagagcttga accgcagctt cttgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttaaagt caaaataccc ccaggggtg 1440

ctgtagccga agtagtggtt gtcattggtg gctcctgagc tgctgctgga gatttgcttg 1500

tagaggtggt tgttgtaggt ggggagggcc caggttctgg tgctggtggt gatgactctg 1560

tcgcccagcc atgtggaatc gcaatgccaa tttcctgagg cattacccac tccgtcggca 1620

ccttcgttat tgtctgccgt tggtgcgcca ccgcctgcag ccattgtacc agatcccaca 1680

ctagagggcg ctgctggagg ttctccaaga ggttgagggt cggggactga ctctgagtcg 1740

ccagtctgac caaaattgag cttcttttta gcgggctgct ggccttttt gccgatgccc 1800

gtggaggagt ctggagagtc tatgggtctc ttctttccag gagccgtctt agcgccttcc 1860

tcaaccagac cgagaggttc gagaacccgc ttcttggcct ggaagactgc tcgcccgagg 1920

ttgcccccaa atgacgtatc ttcttgcagg cgctcctgaa actcggcgtc ggcgtggtta 1980

taccgcaggt acggattgtc acccgctttg agctgctggt cgtaggcctt gtcgtgctcg 2040

agggccgctg cgtccgccgc gttgacgggc tccccccttgt cgagtccgtt gaagggtccg 2100

aggtacttgt agccaggaag caccagaccc cggccgtcgt cctgcttttg ctggttggct 2160

ttgggtttcg gggctccagg tttcaggtcc caccactcgc gaatgccctc agagaggttg 2220

tcctcgagcc aatctggaag ataaccatcg gcagccatac ctggtttaag ccatttattg 2280

ctcagaaaca cagtcgtcca ggtccacgtt gaccaggtcg caggccgagc aggcaatctc 2340

gggtgcccgc cccagcagat gatgaatcgc acacagcttc cgatacgtct tttttctgac 2400

gaccggttga gattctgaca cgccggggaa acattctaaa cagtctctga ccccgtgcgt 2460

gaagcaaatg ttgaaattct gattcattct ctcgcacgtt ttgcagggaa acagcatctg 2520

aagcatgccc gcgtggcgag aacatttgtt ttggtacctg tcggcaaagt ccaccggagc 2580
tccttccgcg tctgacgtcg atgggtccgt gactgaggga caggcccgct tgggctcgct 2640
tatatccgcg tcatcggggg cgggtctttt gctggctccg ccctttctga cgtagaactc 2700
atgcgtcacc tcagtcacgt gatcactagc ccagcggaag aactctttga cttcctgctt 2760
tgtcaccttg ccaaagtcgt gttccagacg gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc 2820
ctgcaacggc tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg cgcgcatgtt 2880
ggtgttggag gtgacgatca cgggggtggg atcgatctgg gcggacgact tgcacttttg 2940

gtccacgcgc accttgctgc cgccgagaat ggccttggcg gactccacga ccttggccgt 3000
catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga agggaaagtt 3060
ctcattggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3095

<210> 443
<211> 729
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 443

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285
Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300
Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr

435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr

450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln

465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr

500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe

515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn

530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys

545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn

565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln

580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 444
<211> 729
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 444

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr

435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr

450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln

465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr

500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe

515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn

530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575
Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590
Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640
Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655
Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700
Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720
Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 445
<211> 729
<212> PRT
<213
> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 445

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr

435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr

450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln

465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 446

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<

400> 446

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tacaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcggcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gcccttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgcacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgctacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 447

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 447

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Arg Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Pro Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 448

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 448

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020
agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140
cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200
tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380
cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440
ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620
ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680
atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740
gtggtggctg ataacttgca gcaaaccaat acggggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800
caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 449

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 449

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 450

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 450

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asp Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Arg Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Ala Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ser Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 451

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 451

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcaggatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgccctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcgggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg ttgctatggc aacgcataag gacgacgagg aacgtttctt tccatcgagc 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaggaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaagccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaat tttcacccgt ctcctctgat gggcggcttt 1920

ggactgaagc acccacctcc ccagatcctg atcaagaata cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacgacgt tcagccaggc aaaattggct tccttcatca cgcagtacag caccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgatg gaacccagaa 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caattctgag 2160

ggtacatatt cagagcctcg ccccattggt actcgttatc tgacacgtaa tctgtaa 2217

<210> 452

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 452

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gcctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctcg aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccagtaga gcagtcaccc caagaaccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttccc agtaacggga 1620

tcctgttttt ggcaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct acagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtaatctgta a 2211

<210> 453

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 453

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525
Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Val Thr Gly Ser Cys Phe Trp
530 535 540
Gln Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 454

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 454

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcagcgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctgcgac 240
cagcggctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaagg gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacga gggcgccgac 660
ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaatcacct ctacaagcaa 780
atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140
actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200
ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260
cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320
gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440
ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620
ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680
atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740
gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga cgaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 455

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 455

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Cys Asp
65 70 75 80

Gln Arg Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Glu Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 456

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 456

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca acggtagtca ggccgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200

ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac ttttccttca gctacacttt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agtttggaca ggctgatgaa tcctctcatc 1320

gaccagtacc tgtactacct gtcaagaacc cagtctacgg gaggcacagc gggaacccag 1380

cagttgctgt tttctcaggc cgggcctagc aacatgtcga ctcaggccag aaactggctg 1440

cctggaccct gctacagaca gcagcgcgtc tccacgacac tgtcgcaaaa caacaacagc 1500

aactttgcct ggactggtgc caccaagtat catctgaacg gcagagactc tctggtgaat 1560

ccgggcgtcg ccatggcaac caacaaggac gacgaggacc gcttcttccc atccagcggc 1620

atcctcatgt ttggcaagca gggagctgga aaagacaacg tggactatag caacgtgatg 1680

ctaaccagcg aggaagaaat caagaccacc aaccccgtgg ccacagaaca gtatggcgtg 1740

gtggctgata acctacagca gcaaaacacc gctcctattg tgggggccgt caacagccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcctatttgg 1860

gccaagattc ctcacacaga tggcaacttt cacccgtctc ctttaatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatccttatc aaaaacactc ctgttcctgc ggatcctcca 1980

acagcgttca accaggccaa gctgaattct ttcatcacgc agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgttaa tactgagggt 2160

gcttactctg agcctcgccc cattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 457

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 457

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Thr Gln Ala Arg Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Ala Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 458

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 458

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140
ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200
ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380
cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440
ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560
aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620
ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680
atgctaacca gcgaggaaga aatcaaggcc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740
gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800
cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160
ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 459
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 459
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 460

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 460

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagcacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgctga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacggttc aggtcttttc ggactcggaa taccagctgc cctacgtcct cggctccgca 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctgactctga acaatggcag ccaatcggtg ggtcgttcct ctttctactg cctggaatat 1200

ttcccttctc aaatgctgag aacgggcaac aacttcacct tcagctacac cttcgaggac 1260

gttcccttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcctgg accggctgat gaatcctctt 1320

atcgaccagt acctgtatta cctggccaga acacagagca acgcaggagg cacagctggc 1380

aatcgggaac tgcagtttta tcagggcggg cctaccacca tggccgaaca agccaaaaac 1440

tggctgcctg gaccttgctt ccggcaacaa agagtctcca agacgctgga tcaaaacaac 1500

aacagcaact ttgcttggac tggtgccacc aaataccatc taaatggaag aaattcattg 1560

gttaatcccg gtgtcgccat ggcaacccac aaggacgacg aggaacgctt cttcccttcg 1620

agcggagtcc tgatttttgg aaaaactgga gcagctaata agactacact ggaaaatgtg 1680

ttaatgacaa atgaagagga aattcgtcct accaacccgg tagccaccga ggaatacggg 1740

actgttagca gcaacctgca ggcggctaac actgcagccc agacacaagt tgtcaacaac 1800

cagggagcct tacctggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tttcacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg atcaaaaaca ctcctgttcc tgctaatccc 1980

ccggaggtgt ttacgcctgc caagtttgct tctttcatca cacagtacag caccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cctccaattt tgacaaacag actggtgtgg actttgccgt tgacagccag 2160

ggtgtttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 461

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 461

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys His Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu
450 455 460
Gln Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn
465 470 475 480

Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu
485 490 495
Asp Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr
500 505 510
His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala
515 520 525
Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu
530 535 540

Ile Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val
545 550 555 560
Leu Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala
580 585 590

Ala Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 462
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 462
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Lys Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Ser

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 463
<211> 737
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 463

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Ser
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 464

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 464

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 465

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 465

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Lys Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 466

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 466

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacaa gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca gcaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 467

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 467

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgcac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acttatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggcaac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acatgggcta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacgg caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 468

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 468

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro His Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Leu Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Asn Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Met Gly Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Gly Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 469

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 469

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccggaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

gtcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gagcccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160
ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 470
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 470

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Gly Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Ser Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 471
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"
<400> 471
atggttgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcagggc 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctta aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagctt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgcg ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gccagcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagccgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 472

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 472

Met Val Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Gly Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Leu Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Gln Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Pro Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 473

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 473

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa tagcctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactccca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgtcttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacttgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 474

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 474

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Ser Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Pro Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Ser Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 475

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 475

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Val His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Ser Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Pro Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 476

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 476

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgtgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aattcgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc ccacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 477

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 477

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Arg Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala
450 455 460
Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro
465 470 475 480
Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn
485 490 495

Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly Arg

500 505 510

Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp

515 520 525

Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu

530 535 540

Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly

565 570 575

Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu

580 585 590

Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 478

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 478

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gtcacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggagtac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtggga cgttcatcct tctactgcct ggaatacttc 1200

ccttctcagg tgctgagaac gggtaacaac ttcaccttca gttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcctagacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggctagaaca cagagtaacc caggaggcac atctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca gggcgggcct tccaccatgg ccgaacaagc caagaactgg 1440

ttacctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtttccaaaa cactggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcattggtg 1560

aatcctggtg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca accaacaaga ctacattgga aaacgtgtta 1680

atgacaaatg aagaagaaat tcgtcctact aatcctgtgg ccacagaaga atacgggata 1740

gtcagcagca atttacaagc ggccaatact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaaaattc ctcacacaga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 479

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 479

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Val Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ser Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 480

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 480

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca cacggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccggac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960
caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140
actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200
ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260
cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320
gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380
cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440
ctgcctggac cttgcttccg gcaacgaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620
ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680
atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740
gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800
ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860
gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 481

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 481

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Arg Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 482

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 482

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cttcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggcccagccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tcaagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcgggtcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa aacacaatca aatagtggag ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagtc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctacctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtaccaccta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccgaggagcg 1800

ttacctggca tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaagagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 483

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 483

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Gln Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Ala Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Arg Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 484
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 484

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgcg ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660
ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
acctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840
ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900
cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960
atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020
agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080
caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200
ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgcgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 485

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 485

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Thr Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Ala Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 486
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 486

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggccgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagctgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaagca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagtgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160
ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 487
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 487

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Ser Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Cys Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 488
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 488
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Ser Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 489

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 489

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacga gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccctaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800
cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 490
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 490

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Pro Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 491
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 491
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcac 60
gagtggtggg acccgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacccaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaacg tctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact tctcaccacg tgaccggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cggaaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc ctcagatcct gatcaaaaac actcctgttc ctgctaatcc cccggaggtg 1980

tttacgcctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtaca gcaccggcca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaagcgct ggaacccaga gattcagtat 2100

acctccaatt ttgacaaaca gactggtgtg gactttgccg ttgacagcca gggtgtttat 2160

tctgagcctc gccccattgg tactcgttac ctcacccgta atctgtaa 2208

<210> 492

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 492

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile His Glu Trp Trp Asp Pro Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr His Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Arg Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Glu Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Phe

690 695 700

Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 493

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 493

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Pro Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Pro Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asp Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Val Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735
Asn Leu

<210> 494
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 494
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaagg ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgacccatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctaccc tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaagac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcaggtcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 495

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 495

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttc 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggctgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gagccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacaa gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gggtgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atgacagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740
gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800
ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860
gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920
ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980
gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160
gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 496
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 496

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Ala Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Lys Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Gly Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Asp Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 497

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 497

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgtgtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgcag gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 498

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 498

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Val Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Arg Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 499

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 499

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 500

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 500

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Val Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 501

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 501

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 502

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 502

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctagac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 503

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 503

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Arg Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 504
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 504

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accatgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcctccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 505

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 505

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 506
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 506
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Leu Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 507
<211> 2217
<212> DNA

<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 507

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccacccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg tgatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcttcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 508

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 508

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Pro Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Val Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Leu Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 509

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 509

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgcc ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccatca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

caggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacaga tggcaacttt cacccgtctc ctttaatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatcctcatc aaaaacactc ctgttcctgc ggatcctcca 1980

acagcgttca accaggccaa gctgaattct ttcatcacgc agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgttaa tactgagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc cattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 510

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 510

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Ile Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Gln Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 511

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 511

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccgcctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gatgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga gcggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tcttccatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tttgtaa 2217

<210> 512

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 512

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Ala Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Ser Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Ser

660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735
Asn Leu

<210> 513

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 513

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 514

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 514

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200
tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380
cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440
ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620
ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680
atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740
gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800
caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920
ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100
attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160
ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 515
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 515

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Arg Gln Asn Thr Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 516
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 516

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Leu Asn Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Gly
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Lys Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Ser Pro His Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Glu Ala Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ser Asp Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys

435 440 445

Thr Gln Gly Thr Asn Ala Thr Val Gln Gly Ala Lys Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Arg Asp Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Tyr Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met Asn Gly Thr Leu Val Phe Gly
530 535 540
Lys Asn Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Ile Glu Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Val Val Ser Asp Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Arg Pro Ile
580 585 590

Thr Gly Asp Val Asp Ser Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 517

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 517

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 518

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 518

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 519

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 519

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 520

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 520

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Arg Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 521

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 521

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

```
    450                 455                 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465                 470                 475                 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Glu Asp Ala Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
    530                 535                 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545                 550                 555                 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
                565                 570                 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
            580                 585                 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
        595                 600                 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
            660                 665                 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 522

<211> 1803

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 522

acggcgcctg cggcaaaaaa gaggcctcta gagcagagtc ctcaagagcc agactcctcg 60

agcggagttg gcaagaaagg caaacagcct gccagaaaga gactcaactt tgacgacgaa 120

cctggagccg gagacgggcc tcccccagaa ggaccatctt ccggagctat gtctactgag 180

actgaaatgc gtgcagcagc tggcggaaat ggtggcgatg cgggacaagg tgccgaggga 240

gtgggtaatg cctccggtga ttggcattgc gattccactt ggtcagagag ccacgtcacc 300

accacctcaa cccgcacctg ggtcctgccg acctacaaca accacctgta cctgcggctc 360

ggctcgagca acgccagcga caccttcaac ggattctcca ccccctgggg atactttgac 420

tttaaccgct tccactgcca cttctcgcca agagactggc aaaggctcat caacaaccac 480

tggggactgc gccccaaaag catgcaagtc cgcatcttca acatccaagt taaggaggtc 540

acgacgtcta acggggagac gaccgtatcc aacaacctca ccagcacggt ccagatcttt 600

gcggacagca cgtacgagct cccgtacgtg atggatgcag gtcaggaggg cagcttgcct 660

cctttcccca acgacgtgtt catggtgcct cagtacgggt actgcggact ggtaaccgga 720

ggcagctctc aaaaccagac agacagaaat gccttctact gtctggagta ctttcccagc 780

cagatgctga gaaccggaaa caactttgag atggtgtaca agtttgaaaa cgtgcccttc 840

cactccatgt acgctcacag ccagagcctg gataggctga tgaacccgct gctggaccag 900

tacctgtggg agctccagtc taccacctct ggaggaactc tcaaccaggg caattcagcc 960

accaactttg ccaagctgac caaaacaaac ttttctggct accgcaaaaa ctggctcccg 1020

gggcccatga tgaagcagca gagattctcc aagactgcca gtcaaaacta caagattccc 1080

cagggaagaa acaacagtct gctccattat gagaccagaa ctaccctcga cggaagatgg 1140

agcaattttg ccccgggaac ggccatggca accgcagcca acgacgccac cgacttctct 1200

caggcccagc tcatctttgc ggggcccaac atcaccggca acaccaccac agatgccaat 1260

aacctgatgt tcacttcaga agatgaactt agggccacca acccccggga cactgacctg 1320

tttggccacc tggcaaccaa ccagcaaaac gccaccaccg ttcctaccgt agacgacgtg 1380

gacggagtcg gcgtgtaccc gggaatggtg tggcaggaca gagacattta ctaccaaggg 1440

cccatttggg ccaaaattcc acacacggat ggacactttc acccgtctcc tctcattggc 1500

ggatttggac tgaaaagccc gcctccacaa atattcatca aaaacactcc tgtacccgcc 1560

aatcccgcaa cgaccttctc tccggccaga atcaacagct tcatcaccca gtacagcacc 1620

ggacaggtgg ctgtcaaaat agaatgggaa atccagaagg agcggtccaa gagatggaac 1680

ccagaggtcc agttcacgtc caactacgga gcacaggact cgcttctctg ggctcccgac 1740

aacgccggag cctacaaaga gcccagggcc attggatccc gatacctcac caaccacctc 1800

tag 1803

<210> 523

<211> 1617

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 523

atgcgtgcag cagctggcgg aaatggtggc gatgcgggac aaggtgccga gggagtgggt 60

aatgcctccg gtgattggca ttgcgattcc acttggtcag agagccacgt caccaccacc 120

tcaacccgca cctgggtcct gccgacctac aacaaccacc tgtacctgcg gctcggctcg 180

agcaacgcca gcgacacctt caacggattc tccacccccct ggggatactt tgactttaac 240

cgcttccact gccacttctc gccaagagac tggcaaaggc tcatcaacaa ccactgggga 300

ctgcgcccca aaagcatgca agtccgcatc ttcaacatcc aagttaagga ggtcacgacg 360

tctaacgggg agacgaccgt atccaacaac ctcaccagca cggtccagat ctttgcggac 420

agcacgtacg agctcccgta cgtgatggat gcaggtcagg agggcagctt gcctcctttc 480

cccaacgacg tgttcatggt gcctcagtac gggtactgcg gactggtaac cggaggcagc 540

tctcaaaacc agacagacag aaatgccttc tactgtctgg agtactttcc cagccagatg 600

ctgagaaccg gaaacaactt tgagatggtg tacaagtttg aaaacgtgcc cttccactcc 660

atgtacgctc acagccagag cctggatagg ctgatgaacc cgctgctgga ccagtacctg 720

tgggagctcc agtctaccac ctctggagga actctcaacc agggcaattc agccaccaac 780

tttgccaagc tgaccaaaac aaacttttct ggctaccgca aaaactggct cccggggccc 840

atgatgaagc agcagagatt ctccaagact gccagtcaaa actacaagat tccccaggga 900

agaaacaaca gtctgctcca ttatgagacc agaactaccc tcgacggaag atggagcaat 960

tttgccccgg gaacggccat ggcaaccgca gccaacgacg ccaccgactt ctctcaggcc 1020

cagctcatct ttgcggggcc caacatcacc ggcaacacca ccacagatgc caataacctg 1080

atgttcactt cagaagatga acttagggcc accaacccc gggacactga cctgtttggc 1140

cacctggcaa ccaaccagca aaacgccacc accgttccta ccgtagacga cgtggacgga 1200

gtcggcgtgt acccgggaat ggtgtggcag gacagagaca tttactacca agggcccatt 1260

tgggccaaaa ttccacacac ggatggacac tttcacccgt ctcctctcat tggcggattt 1320

ggactgaaaa gcccgcctcc acaaatattc atcaaaaaca ctcctgtacc cgccaatccc 1380

gcaacgacct tctctccggc cagaatcaac agcttcatca cccagtacag caccggacag 1440

gtggctgtca aaatagaatg ggaaatccag aaggagcggt ccaagagatg gaacccagag 1500

gtccagttca cgtccaacta cggagcacag gactcgcttc tctgggctcc cgacaacgcc 1560

ggagcctaca aagagcccag ggccattgga tcccgatacc tcaccaacca cctctag 1617

<210> 524

<211> 1173

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 524

atggcgctgg taagctggct ggtggaacat ggcatcactt ccgagaagca gtggattcag 60

gagaatcagg agagctacct gtccttcaac tccacgggaa actctcggag ccagattaaa 120

gccgcgcttg acaacgcgtc aaaaattatg agtctgacca aatctgcctc agactatctc 180

gtgggacaga ctgttccaga ggacatttct gaaaacagaa tctggcagat ttttgatctc 240

aacggctacg acccggcata cgcgggctct gttctctacg gctggtgcac tcgcgccttt 300

ggaaagagga acaccgtctg gctgtatgga cccgcgacca ccggaaagac caacatcgcg 360

gaagccatct ctcacaccgt gccctttat ggctgtgtga actggactaa tgagaacttt 420

ccctttaatg actgtgtgga aaaaatgttg atctggtggg aggagggaaa gatgaccagc 480

aaggtggtgg aacccgccaa ggccatcttg ggggggtcta gagtacgagt ggatcaaaaa 540

tgtaaatcct ctgtacaagt agactctacc ccggtgatta tcacctccaa tactaacatg 600

tgtgtggtgg tggatgggaa ctccacgacc tttgaacacc agcagccgct ggaagaccgc 660

atgttcagat ttgaactcat gcggcggctc ccgccagatt ttggcaagat taccaagcag 720

gaagtcaaag actttttgc ttgggcaaag gtcaaccagg tgccggtgac tcacgagttt 780

atggttccca agaaagtggc gggaactgag agggcggaga cttctagaaa acgcccactg 840

gatgacgtca ccaataccaa ctataaaagt ccggagaagc gggcccggct ctcagttgtt 900

cctgagacgc ctcgcagttc agacgtgcct gtagagcccg ctcctctgcg acctctcaac 960

tggtcttcca ggtatgaatg cagatgtgac tatcatgcta aatttgactc tgtaacgggg 1020

gaatgtgacg agtgtgaata tttgaatcgg ggcaaaaatg gctgtatctt tcataatgct 1080

acacattgtc aaatttgtca cgctgttcct ccatgggaaa aggaaaatgt gtcagatttt 1140

aatgattttg atgactgtaa taaagagcag taa 1173

<210> 525

<211> 1833

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 525

atggctacct tctatgaagt cattgttcgc gttccatttg atgtggaaga gcacctgcct 60

ggaatttctg acaactttgt agactgggta actggtcaaa tttgggagct gcctcccgag 120

tcagatttga atttgactct gattgagcag cctcagctga cggtggctga cagaattcgc 180

cgcgtgttcc tgtacgagtg gaacaaattt tccaagcagg agagcaaatt ctttgtgcag 240

tttgaaaagg gatctgaata ttttcatctg cacacgctcg tggagacctc cggcatctct 300

tctatggtcc ttggccgcta cgtgagtcag attcgcgccc agctggtgaa ggtggtgttc 360

cagaacattg agccgcggat taacgactgg gtcgccatca ccaaggtaaa gaagggcgga 420

gccaataagg tggtggattc tgggtatatt cccgcctacc tgctgccgaa ggtccaacca 480

gagcttcagt gggcgtggac taacctcgaa gagtataaat tggccgccct caatctggag 540

gagcgcaaac ggctcgtcgc tcagtttcag cttgagtcct cgcagcgctc gcaagaggca 600

tcttcccaga gggacgtttc ggctgacccg gtcatcaaga gcaagacttc ccagaaatac 660

atggcgctgg taagctggct ggtggaacat ggcatcactt ccgagaagca gtggattcag 720

gagaatcagg agagctacct gtccttcaac tccacgggaa actctcggag ccagattaaa 780

gccgcgcttg acaacgcgtc aaaaattatg agtctgacca aatctgcctc agactatctc 840

gtgggacaga ctgttccaga ggacatttct gaaaacagaa tctggcagat ttttgatctc 900

aacggctacg acccggcata cgcgggctct gttctctacg gctggtgcac tcgcgccttt 960

ggaaagagga acaccgtctg gctgtatgga cccgcgacca ccggaaagac caacatcgcg 1020

gaagccatct ctcacaccgt gccctttat ggctgtgtga actggactaa tgagaacttt 1080

ccctttaatg actgtgtgga aaaaatgttg atctggtggg aggagggaaa gatgaccagc 1140

aaggtggtgg aacccgccaa ggccatcttg ggggggtcta gagtacgagt ggatcaaaaa 1200

tgtaaatcct ctgtacaagt agactctacc ccggtgatta tcacctccaa tactaacatg 1260

tgtgtggtgg tggatgggaa ctccacgacc tttgaacacc agcagccgct ggaagaccgc 1320

atgttcagat ttgaactcat gcggcggctc ccgccagatt ttggcaagat taccaagcag 1380

gaagtcaaag actttttttgc ttgggcaaag gtcaaccagg tgccggtgac tcacgagttt 1440

atggttccca agaaagtggc gggaactgag agggcggaga cttctagaaa acgcccactg 1500

gatgacgtca ccaataccaa ctataaaagt ccggagaagc gggcccggct ctcagttgtt 1560

cctgagacgc ctcgcagttc agacgtgcct gtagagcccg ctcctctgcg acctctcaac 1620

tggtcttcca ggtatgaatg cagatgtgac tatcatgcta aatttgactc tgtaacgggg 1680

gaatgtgacg agtgtgaata tttgaatcgg ggcaaaaatg gctgtatctt tcataatgct 1740

acacattgtc aaatttgtca cgctgttcct ccatgggaaa aggaaaatgt gtcagatttt 1800

aatgattttg atgactgtaa taaagagcag taa 1833

<210> 526

<211> 2211

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 526

atgtcttttg ttgaccaccc tccagattgg ttggaatcga tcggcgacgg ctttcgtgaa 60

tttctcggcc ttgaggcggg tcccccgaaa cccaaggcca atcaacagaa gcaagataac 120

gctcgaggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tatcttggtc ctgggaacgg ccttgataag 180

ggcgatcctg tcaattttgc tgacgaggtt gcccgagagc acgacctctc ctaccagaaa 240

cagcttgagg cgggcgataa cccttacctc aagtacaacc acgcggacgc agagtttcag 300

gagaaactcg cttctgacac ttcttttggg ggaaaccttg ggaaggctgt tttccaggct 360

aaaaagagga ttctcgaacc tcttggcctg gttgagacgc cggataaaac ggcgcctgcg 420

gcaaaaaaga ggcctctaga gcagagtcct caagagccag actcctcgag cggagttggc 480

aagaaaggca aacagcctgc cagaaagaga ctcaactttg acgacgaacc tggagccgga 540

gacgggcctc ccccagaagg accatcttcc ggagctatgt ctactgagac tgaaatgcgt 600

gcagcagctg gcggaaatgg tggcgatgcg ggacaaggtg ccgagggagt gggtaatgcc 660

tccggtgatt ggcattgcga ttccacttgg tcagagagcc acgtcaccac cacctcaacc 720

cgcacctggg tcctgccgac ctacaacaac cacctgtacc tgcggctcgg ctcgagcaac 780

gccagcgaca ccttcaacgg attctccacc ccctggggat actttgactt taaccgcttc 840

cactgccact tctcgccaag agactggcaa aggctcatca acaaccactg gggactgcgc 900

cccaaaagca tgcaagtccg catcttcaac atccaagtta aggaggtcac gacgtctaac 960

ggggagacga ccgtatccaa caacctcacc agcacggtcc agatctttgc ggacagcacg 1020

tacgagctcc cgtacgtgat ggatgcaggt caggagggca gcttgcctcc tttccccaac 1080

gacgtgttca tggtgcctca gtacgggtac tgcggactgg taaccggagg cagctctcaa 1140

aaccagacag acagaaatgc cttctactgt ctggagtact ttcccagcca gatgctgaga 1200

accggaaaca actttgagat ggtgtacaag tttgaaaacg tgcccttcca ctccatgtac 1260

gctcacagcc agagcctgga taggctgatg aacccgctgc tggaccagta cctgtgggag 1320

ctccagtcta ccacctctgg aggaactctc aaccagggca attcagccac caactttgcc 1380

aagctgacca aaacaaactt ttctggctac cgcaaaaact ggctcccggg gcccatgatg 1440

aagcagcaga gattctccaa gactgccagt caaaactaca agattcccca gggaagaaac 1500

aacagtctgc tccattatga gaccagaact accctcgacg gaagatggag caattttgcc 1560

ccgggaacgg ccatggcaac cgcagccaac gacgccaccg acttctctca ggcccagctc 1620

atctttgcgg ggcccaacat caccggcaac accaccacag atgccaataa cctgatgttc 1680

acttcagaag atgaacttag ggccaccaac ccccgggaca ctgacctgtt tggccacctg 1740

gcaaccaacc agcaaaacgc caccaccgtt cctaccgtag acgacgtgga cggagtcggc 1800

gtgtacccgg gaatggtgtg gcaggacaga gacatttact accaagggcc catttgggcc 1860

aaaattccac acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcattggcgg atttggactg 1920

aaaagcccgc ctccacaaat attcatcaaa aacactcctg tacccgccaa tcccgcaacg 1980

accttctctc cggccagaat caacagcttc atcacccagt acagcaccgg acaggtggct 2040

gtcaaaatag aatgggaaat ccagaaggag cggtccaaga gatggaaccc agaggtccag 2100

ttcacgtcca actacggagc acaggactcg cttctctggg ctcccgacaa cgccggagcc 2160

tacaaagagc ccagggccat tggatcccga tacctcacca accacctcta g 2211

<210> 527

<211> 4694

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 527

gtggcactcc ccccccctgtc gcgttcgctc gttcgctggc tcgattgggg gggtggcagc 60

tcaaagagct gccagacgac ggccctctgg gccgtcgccc ccccaatcga gccagcgaac 120

gagcgaacgc gacaggggggg ggagtgccac actctctagc aaggggggttt tgtaggtggt 180

gatgtcattg ttgatgtcat tatagttgtc acgcgatagt taatgattaa cagtcatgtg 240

atgtgtgtta tccaatagga tgaaagcgcg cgaatgagat ctcgcgagac ttccggggta 300

taaaaggggt gagtgaacga gcccgccgcc attctctgct ctggactgct agaggaccct 360

cgctgccatg gctaccttct atgaagtcat tgttcgcgtt ccatttgatg tggaagagca 420

cctgcctgga atttctgaca actttgtaga ctgggtaact ggtcaaattt gggagctgcc 480

tcccgagtca gatttgaatt tgactctgat tgagcagcct cagctgacgg tggctgacag 540

aattcgccgc gtgttcctgt acgagtggaa caaattttcc aagcaggaga gcaaattctt 600

tgtgcagttt gaaaagggat ctgaatattt tcatctgcac acgctcgtgg agacctccgg 660

catctcttct atggtccttg gccgctacgt gagtcagatt cgcgcccagc tggtgaaggt 720

ggtgttccag aacattgagc cgcggattaa cgactgggtc gccatcacca aggtaaagaa 780

gggcggagcc aataaggtgg tggattctgg gtatattccc gcctacctgc tgccgaaggt 840

ccaaccagag cttcagtggg cgtggactaa cctcgaagag tataaattgg ccgccctcaa 900

tctggaggag cgcaaacggc tcgtcgctca gtttcagctt gagtcctcgc agcgctcgca 960

agaggcatct tcccagaggg acgtttcggc tgacccggtc atcaagagca agacttccca 1020

gaaatacatg gcgctggtaa gctggctggt ggaacatggc atcacttccg agaagcagtg 1080

gattcaggag aatcaggaga gctacctgtc cttcaactcc acgggaaact ctcggagcca 1140

gattaaagcc gcgcttgaca acgcgtcaaa aattatgagt ctgaccaaat ctgcctcaga 1200

ctatctcgtg ggacagactg ttccagagga catttctgaa aacagaatct ggcagatttt 1260

tgatctcaac ggctacgacc cggcatacgc gggctctgtt ctctacggct ggtgcactcg 1320

cgcctttgga aagaggaaca ccgtctggct gtatggaccc gcgaccaccg gaaagaccaa 1380

catcgcggaa gccatctctc acaccgtgcc cttttatggc tgtgtgaact ggactaatga 1440

gaactttccc tttaatgact gtgtggaaaa aatgttgatc tggtgggagg agggaaagat 1500

gaccagcaag gtggtggaac ccgccaaggc catcttgggg gggtctagag tacgagtgga 1560

tcaaaaatgt aaatcctctg tacaagtaga ctctaccccg gtgattatca cctccaatac 1620

taacatgtgt gtggtggtgg atgggaactc cacgaccttt gaacaccagc agccgctgga 1680

agaccgcatg ttcagatttg aactcatgcg gcggctcccg ccagattttg gcaagattac 1740

caagcaggaa gtcaaagact tttttgcttg ggcaaaggtc aaccaggtgc cggtgactca 1800

cgagtttatg gttcccaaga aagtggcggg aactgagagg gcggagactt ctagaaaacg 1860

cccactggat gacgtcacca ataccaacta taaaagtccg gagaagcggg cccggctctc 1920

agttgttcct gagacgcctc gcagttcaga cgtgcctgta gagcccgctc ctctgcgacc 1980

tctcaactgg tcttccaggt atgaatgcag atgtgactat catgctaaat ttgactctgt 2040

aacgggggaa tgtgacgagt gtgaatattt gaatcggggc aaaaatggct gtatctttca 2100

taatgctaca cattgtcaaa tttgtcacgc tgttcctcca tgggaaaagg aaaatgtgtc 2160

agattttaat gattttgatg actgtaataa agagcagtaa ataaagtgag tagtcatgtc 2220

ttttgttgac caccctccag attggttgga atcgatcggc gacggctttc gtgaatttct 2280
cggccttgag gcgggtcccc cgaaacccaa ggccaatcaa cagaagcaag ataacgctcg 2340
aggtcttgtg cttcctgggt acaagtatct tggtcctggg aacggccttg ataagggcga 2400
tcctgtcaat tttgctgacg aggttgcccg agagcacgac ctctcctacc agaaacagct 2460
tgaggcgggc gataaccctt acctcaagta caaccacgcg gacgcagagt ttcaggagaa 2520
actcgcttct gacacttctt ttgggggaaa ccttgggaag gctgttttcc aggctaaaaa 2580
gaggattctc gaacctcttg gcctggttga gacgccggat aaaacggcgc ctgcggcaaa 2640

aaagaggcct ctagagcaga gtcctcaaga gccagactcc tcgagcggag ttggcaagaa 2700
aggcaaacag cctgccagaa agagactcaa ctttgacgac gaacctggag ccggagacgg 2760
gcctccccca gaaggaccat cttccggagc tatgtctact gagactgaaa tgcgtgcagc 2820
agctggcgga aatggtggcg atgcgggaca aggtgccgag ggagtgggta atgcctccgg 2880
tgattggcat tgcgattcca cttggtcaga gagccacgtc accaccacct caacccgcac 2940
ctgggtcctg ccgacctaca acaaccacct gtacctgcgg ctcggctcga gcaacgccag 3000
cgacaccttc aacggattct ccacccccctg gggatacttt gactttaacc gcttccactg 3060

ccacttctcg ccaagagact ggcaaaggct catcaacaac cactggggac tgcgccccaa 3120
aagcatgcaa gtccgcatct tcaacatcca agttaaggag gtcacgacgt ctaacgggga 3180
gacgaccgta tccaacaacc tcaccagcac ggtccagatc tttgcggaca gcacgtacga 3240
gctcccgtac gtgatggatg caggtcagga gggcagcttg cctcctttcc ccaacgacgt 3300
gttcatggtg cctcagtacg ggtactgcgg actggtaacc ggaggcagct ctcaaaacca 3360
gacagacaga aatgccttct actgtctgga gtactttccc agccagatgc tgagaaccgg 3420
aaacaacttt gagatggtgt acaagtttga aaacgtgccc ttccactcca tgtacgctca 3480

cagccagagc ctggataggc tgatgaaccc gctgctggac cagtacctgt gggagctcca 3540
gtctaccacc tctggaggaa ctctcaacca gggcaattca gccaccaact ttgccaagct 3600
gaccaaaaca aacttttctg gctaccgcaa aaactggctc ccggggccca tgatgaagca 3660
gcagagattc tccaagactg ccagtcaaaa ctacaagatt ccccagggaa gaaacaacag 3720
tctgctccat tatgagacca gaactaccct cgacggaaga tggagcaatt ttgccccggg 3780
aacggccatg gcaaccgcag ccaacgacgc caccgacttc tctcaggccc agctcatctt 3840
tgcggggccc aacatcaccg gcaacaccac cacagatgcc aataacctga tgttcacttc 3900

agaagatgaa cttagggcca ccaacccccg ggacactgac ctgtttggcc acctggcaac 3960

caaccagcaa aacgccacca ccgttcctac cgtagacgac gtggacggag tcggcgtgta 4020

cccgggaatg gtgtggcagg acagagacat ttactaccaa gggcccattt gggccaaaat 4080

tccacacacg gatggacact ttcacccgtc tcctctcatt ggcggatttg gactgaaaag 4140

cccgcctcca caaatattca tcaaaaacac tcctgtaccc gccaatcccg caacgacctt 4200

ctctccggcc agaatcaaca gcttcatcac ccagtacagc accggacagg tggctgtcaa 4260

aatagaatgg gaaatccaga aggagcggtc caagagatgg aacccagagg tccagttcac 4320

gtccaactac ggagcacagg actcgcttct ctgggctccc gacaacgccg gagcctacaa 4380

agagcccagg gccattggat cccgatacct caccaaccac ctctagccca attctgttgc 4440

ataccctcaa taaaccgtgt attcgtttca gtaaaatact gcctcttgtg gtcattcggc 4500

gtacaacagc ttacaacaac aacaaaaccc ccttgctaga gagtgtggca ctccccccc 4560

tgtcgcgttc gctcgttcgc tggctcgatt gggggggtgg cagctcaaag agctgccaga 4620

cgacggccct ctgggccgtc gccccccaa tcgagccagc gaacgagcga acgcgacagg 4680

gggggagtg ccac 4694

<210> 528

<211> 390

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 528

Met Ala Leu Val Ser Trp Leu Val Glu His Gly Ile Thr Ser Glu Lys

1 5 10 15

Gln Trp Ile Gln Glu Asn Gln Glu Ser Tyr Leu Ser Phe Asn Ser Thr

20 25 30

Gly Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

35 40 45

Ile Met Ser Leu Thr Lys Ser Ala Ser Asp Tyr Leu Val Gly Gln Thr

50 55 60

Val Pro Glu Asp Ile Ser Glu Asn Arg Ile Trp Gln Ile Phe Asp Leu

65 70 75 80

Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Leu Tyr Gly Trp Cys

85 90 95

Thr Arg Ala Phe Gly Lys Arg Asn Thr Val Trp Leu Tyr Gly Pro Ala

100 105 110

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ser His Thr Val Pro

115 120 125

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

130 135 140

Cys Val Glu Lys Met Leu Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ser

145 150 155 160

Lys Val Val Glu Pro Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg

165 170 175

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Val Gln Val Asp Ser Thr Pro Val

180 185 190

Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Val Val Val Asp Gly Asn Ser

195 200 205

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Arg Phe

210 215 220

Glu Leu Met Arg Arg Leu Pro Pro Asp Phe Gly Lys Ile Thr Lys Gln

225 230 235 240

Glu Val Lys Asp Phe Phe Ala Trp Ala Lys Val Asn Gln Val Pro Val

245 250 255

Thr His Glu Phe Met Val Pro Lys Lys Val Ala Gly Thr Glu Arg Ala

260 265 270

Glu Thr Ser Arg Lys Arg Pro Leu Asp Asp Val Thr Asn Thr Asn Tyr

275 280 285

Lys Ser Pro Glu Lys Arg Ala Arg Leu Ser Val Val Pro Glu Thr Pro

290 295 300

Arg Ser Ser Asp Val Pro Val Glu Pro Ala Pro Leu Arg Pro Leu Asn

305 310 315 320

Trp Ser Ser Arg Tyr Glu Cys Arg Cys Asp Tyr His Ala Lys Phe Asp

325 330 335

Ser Val Thr Gly Glu Cys Asp Glu Cys Glu Tyr Leu Asn Arg Gly Lys

340 345 350

Asn Gly Cys Ile Phe His Asn Ala Thr His Cys Gln Ile Cys His Ala

355 360 365

Val Pro Pro Trp Glu Lys Glu Asn Val Ser Asp Phe Asn Asp Phe Asp

370 375 380

Asp Cys Asn Lys Glu Gln

385 390

<210> 529

<211> 610

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 529

Met Ala Thr Phe Tyr Glu Val Ile Val Arg Val Pro Phe Asp Val Glu

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Asn Phe Val Asp Trp Val Thr Gly

20 25 30

Gln Ile Trp Glu Leu Pro Pro Glu Ser Asp Leu Asn Leu Thr Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Pro Gln Leu Thr Val Ala Asp Arg Ile Arg Arg Val Phe Leu

50 55 60

Tyr Glu Trp Asn Lys Phe Ser Lys Gln Glu Ser Lys Phe Phe Val Gln

65 70 75 80

Phe Glu Lys Gly Ser Glu Tyr Phe His Leu His Thr Leu Val Glu Thr

85 90 95

Ser Gly Ile Ser Ser Met Val Leu Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile Arg

100 105 110

Ala Gln Leu Val Lys Val Val Phe Gln Asn Ile Glu Pro Arg Ile Asn

115 120 125

Asp Trp Val Ala Ile Thr Lys Val Lys Lys Gly Gly Ala Asn Lys Val

130 135 140

Val Asp Ser Gly Tyr Ile Pro Ala Tyr Leu Leu Pro Lys Val Gln Pro

145 150 155 160

Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Leu Glu Glu Tyr Lys Leu Ala Ala

165 170 175

Leu Asn Leu Glu Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln Phe Gln Leu Glu

180 185 190

Ser Ser Gln Arg Ser Gln Glu Ala Ser Ser Gln Arg Asp Val Ser Ala

195 200 205

Asp Pro Val Ile Lys Ser Lys Thr Ser Gln Lys Tyr Met Ala Leu Val

210 215 220

Ser Trp Leu Val Glu His Gly Ile Thr Ser Glu Lys Gln Trp Ile Gln

225 230 235 240

Glu Asn Gln Glu Ser Tyr Leu Ser Phe Asn Ser Thr Gly Asn Ser Arg

245 250 255

Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys Ile Met Ser Leu

260 265 270

Thr Lys Ser Ala Ser Asp Tyr Leu Val Gly Gln Thr Val Pro Glu Asp

275 280 285

Ile Ser Glu Asn Arg Ile Trp Gln Ile Phe Asp Leu Asn Gly Tyr Asp

290 295 300

Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Leu Tyr Gly Trp Cys Thr Arg Ala Phe

305 310 315 320

Gly Lys Arg Asn Thr Val Trp Leu Tyr Gly Pro Ala Thr Thr Gly Lys

325 330 335

Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ser His Thr Val Pro Phe Tyr Gly Cys

340 345 350

Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp Cys Val Glu Lys

355 360 365

Met Leu Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ser Lys Val Val Glu

370 375 380

Pro Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg Val Asp Gln Lys

385 390 395 400

Cys Lys Ser Ser Val Gln Val Asp Ser Thr Pro Val Ile Ile Thr Ser

405 410 415

Asn Thr Asn Met Cys Val Val Val Asp Gly Asn Ser Thr Thr Phe Glu

420 425 430

His Gln Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Arg Phe Glu Leu Met Arg

435 440 445

Arg Leu Pro Pro Asp Phe Gly Lys Ile Thr Lys Gln Glu Val Lys Asp

450 455 460

Phe Phe Ala Trp Ala Lys Val Asn Gln Val Pro Val Thr His Glu Phe

465 470 475 480

Met Val Pro Lys Lys Val Ala Gly Thr Glu Arg Ala Glu Thr Ser Arg

485 490 495

Lys Arg Pro Leu Asp Asp Val Thr Asn Thr Asn Tyr Lys Ser Pro Glu

500 505 510

Lys Arg Ala Arg Leu Ser Val Val Pro Glu Thr Pro Arg Ser Ser Asp

515 520 525

Val Pro Val Glu Pro Ala Pro Leu Arg Pro Leu Asn Trp Ser Ser Arg

530 535 540

Tyr Glu Cys Arg Cys Asp Tyr His Ala Lys Phe Asp Ser Val Thr Gly

545 550 555 560

Glu Cys Asp Glu Cys Glu Tyr Leu Asn Arg Gly Lys Asn Gly Cys Ile

565 570 575

Phe His Asn Ala Thr His Cys Gln Ile Cys His Ala Val Pro Pro Trp

580 585 590

Glu Lys Glu Asn Val Ser Asp Phe Asn Asp Phe Asp Asp Cys Asn Lys

595 600 605

Glu Gln

610

<210> 530

<211> 538

<212

> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 530

Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala
1 5 10 15
Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
20 25 30
Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
35 40 45
Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Ser Ser Asn Ala Ser

50 55 60
Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
65 70 75 80
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
85 90 95
Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn
100 105 110
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ser

115 120 125
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu
130 135 140
Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe
145 150 155 160
Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Leu Val
165 170 175
Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys

180 185 190
Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu
195 200 205
Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His
210 215 220
Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp Gln Tyr Leu
225 230 235 240

Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly Thr Leu Asn Gln Gly Asn

245 250 255

Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys Thr Asn Phe Ser Gly Tyr

260 265 270

Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met Lys Gln Gln Arg Phe Ser

275 280 285

Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Gln Gly Arg Asn Asn Ser

290 295 300

Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu Asp Gly Arg Trp Ser Asn

305 310 315 320

Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala Ala Asn Asp Ala Thr Asp

325 330 335

Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Asn Ile Thr Gly Asn

340 345 350

Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe Thr Ser Glu Asp Glu Leu

355 360 365

Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu Phe Gly His Leu Ala Thr

370 375 380

Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr Val Asp Asp Val Asp Gly

385 390 395 400

Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr

405 410 415

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His

420 425 430

Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro Gln

435 440 445

Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe

450 455 460

Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

465 470 475 480

Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg

485 490 495

Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Ala Gln Asp Ser

500 505 510

Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala Tyr Lys Glu Pro Arg Ala

515 520 525

Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

530 535

<210> 531

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 531

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Ser Ile Gly Asp

1 5 10 15

Gly Phe Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro Val

50 55 60

Asn Phe Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Leu Ser Tyr Gln Lys

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Thr Pro Asp Lys Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu

165 170 175

Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala

180 185 190

Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly

195 200 205

Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu

245 250 255

Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp

260 265 270

Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp

275 280 285

Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met

290 295 300

Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn

305 310 315 320

Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val His Ile Phe

325 330 335

Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu

340 345 350

Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr

355 360 365

Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp

370 375 380

Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly

435 440 445

Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Asn

450 455 460

Lys Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met

465 470 475 480

Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro

485 490 495

Gln Gly Gly Asn Asn Ser Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu

500 505 510

Asp Arg Arg Trp Ser Asn Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala

515 520 525

Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly

530 535 540

Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe

545 550 555 560

Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu

565 570 575

Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr

580 585 590

Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln
675 680 685
Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala

705 710 715 720
Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730 735

<210> 532
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 532
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Ser Ile Gly Asp
1 5 10 15
Gly Phe Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30
Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro Val
50 55 60
Asn Phe Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Leu Ser Tyr Gln Lys
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Thr Pro Asp Lys Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu

165 170 175

Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala

180 185 190

Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly

195 200 205

Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu

245 250 255

Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp

260 265 270

Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp

275 280 285

Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met

290 295 300

Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn

305 310 315 320

Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe

325 330 335

Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu

340 345 350

Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr

355 360 365

Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp

370 375 380

Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly

435 440 445

Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys

450 455 460

Thr Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met

465 470 475 480

Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro

485 490 495

Gln Gly Arg Asn Asn Ser Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu

500 505 510

Asp Gly Arg Trp Ser Asn Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala

515 520 525

Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly

530 535 540

Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe

545 550 555 560

Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu

565 570 575

Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr
580 585 590
Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln
675 680 685
Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala
705 710 715 720
Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730 735
<210> 533
<211> 736
<212> PRT
<213> Bovine adeno-associated virus
<400> 533
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Ser Ile Gly Asp
1 5 10 15
Gly Phe Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro Val
50 55 60
Asn Phe Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Leu Ser Tyr Gln Lys
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Thr Pro Asp Lys Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu
165 170 175

Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala
180 185 190
Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly
195 200 205
Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu
245 250 255
Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp
260 265 270
Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp
275 280 285
Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met

290 295 300

Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn
305 310 315 320
Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe
325 330 335
Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu
340 345 350
Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr
355 360 365

Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp
370 375 380
Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly
435 440 445
Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys
450 455 460
Thr Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met
465 470 475 480
Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro
485 490 495

Gln Gly Arg Asn Asn Ser Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu
500 505 510
Asp Gly Arg Trp Ser Asn Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala
515 520 525
Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly
530 535 540

Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe
545 550 555 560

Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu
565 570 575
Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr
580 585 590
Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln
675 680 685

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala
705 710 715 720
Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730 735

<210> 534
<211> 600
<212> PRT
<213> Bovine adeno-associated virus
<400> 534
Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu

1 5 10 15

Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg
20 25 30
Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro
35 40 45
Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg
50 55 60
Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly

65 70 75 80
Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu
85 90 95
Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr
100 105 110
Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr
115 120 125
Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

130 135 140
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His
145 150 155 160
Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln
165 170 175
Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn
180 185 190
Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro

195 200 205
Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn
210 215 220
Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly
225 230 235 240
Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu
245 250 255
Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val

260 265 270

Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln

275 280 285

Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu

290 295 300

Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala

305 310 315 320

Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys Thr Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys

325 330 335

Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr

340 345 350

Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Gln Gly Arg Asn Asn Ser Leu Leu

355 360 365

His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu Asp Gly Arg Trp Ser Asn Phe Ala

370 375 380

Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser

385 390 395 400

Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr

405 410 415

Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala

420 425 430

Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln

435 440 445

Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly

450 455 460

Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly

465 470 475 480

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser

485 490 495

Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe

500 505 510

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro

515 520 525

Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala

530 535 540

Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn

545 550 555 560

Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu

565 570 575

Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly

580 585 590

Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

595 600

<210> 535

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 535

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ttggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 536

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 536

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
515 520 525
Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590
Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 537

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 537

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 538

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 538

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Glu Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 539

<211> 2181

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 539

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcacaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgcacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact attggggctt cagaccccgg 900
tctctcagag tcaaaatctt caacatccaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccaa 1020

ctcccgtacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc cccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ctacgcgacg ctgaaccgag acaacggaga caacccgaca 1140
gagcggagca gcttcttttg cctagagtac tttcccagca agatgctgag gacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacag ctttgaagag gtgcccttcc actgcagctt cgccccgagc 1260
cagaacctct ttaagctggc caacccgctg gtggaccagt acctgtaccg cttcgtgagc 1320
acctcggcca cgggcgccat ccagttccaa aagaacctgg cgggcagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacac gagctctggg 1440

gtcagcagca ccaacagagt cagcgtcaac aacttttccg tctcaaaccg gatgaacctg 1500
gaggggggca gctaccaagt gaacccccag cccaacggga tgacaaacac gctccaaggc 1560
agcaaccgct acgcgctgga aaacaccatg atcttcaacg ctcaaaacgc cacgccggga 1620
actacctcgg tgtacccaga ggacaatcta ctgctgacca gcgagagcga gactcagccc 1680
gtcaaccggg tggcttacaa cacgggcggt cagatggcca ccaacgccca gaacgccacc 1740
acggctccca cggtcgggac ctacaacctc caggaagtgc ttcctggcag cgtatggatg 1800
gagagggacg tgtacctcca aggacccatc tgggccaaga tcccagagac gggggcgcac 1860

tttcacccct ctccggccat gggcggattc ggactcaaac acccgccgcc catgatgctc 1920
atcaaaaaca cgccggtgcc cggcaacatc accagcttct cggacgtgcc cgtcagcagc 1980
ttcatcaccc agtacagcac cgggcaggtc accgtggaga tggaatggga gctcaaaaag 2040
gaaaactcca agaggtggaa cccagagatc cagtacacca acaactacaa cgacccccag 2100
tttgtggact ttgctccaga cggctccggc gaatacagaa ccaccagagc catcggaacc 2160
cgatacctca cccgacccct t 2181

<210> 540

<211> 726

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 540

```
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1               5                  10                  15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
            20                  25                  30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
        35                  40                  45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
    50                  55                  60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65                  70                  75                  80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
                85                  90                  95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
            100                 105                 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
        115                 120                 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
    130                 135                 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145                 150                 155                 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
                165                 170                 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
            180                 185                 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
        195                 200                 205
```

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Gly Asp Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu Glu Val Pro Phe His Cys Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Ser Ala Thr Gly Ala Ile Gln
435 440 445
Phe Gln Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Thr Ser Ser Gly

465 470 475 480

Ser Ser Thr Asn Arg Val Ser Val Asn Asn Phe Ser Val Ser Asn Arg

485 490 495

Met Asn Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Asn Pro Gln Pro Asn Gly

500 505 510

Met Thr Asn Thr Leu Gln Gly Ser Asn Arg Tyr Ala Leu Glu Asn Thr

515 520 525

Met Ile Phe Asn Ala Gln Asn Ala Thr Pro Gly Thr Thr Ser Val Tyr

530 535 540

Pro Glu Asp Asn Leu Leu Leu Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val

545 550 555 560

Asn Arg Val Ala Tyr Asn Thr Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Ala Gln

565 570 575

Asn Ala Thr Thr Ala Pro Thr Val Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Val

580 585 590

Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

595 600 605

Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro

610 615 620

Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile

625 630 635 640

Lys Asn Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro

645 650 655

Val Ser Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu

660 665 670

Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu

675 680 685

Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala

690 695 700

Pro Asp Gly Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Ala Ile Gly Thr Arg

705 710 715 720

Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725

<210> 541

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 541

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 542

<211> 1797

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 542

acggctccga ccggagacaa gcggaaaggc gaagacgaac ctcgtttgcc cgacacttct 60

tcacagactc ccaagaaaaa caagaagcct cgcaaggaaa gaccttccgg cggggcagaa 120

gatccgggcg aaggcacctc ttccaacgct ggagcagcag cacccgcctc tagtgtggga 180

tcatctatca tggctgaagg aggtggcggc ccagtgggcg atgcaggcca gggtgccgat 240

ggagtgggca attcctccgg aaattggcat tgcgattccc aatggctgga aaacggagtc 300

gtcactcgaa ccacccgaac ctgggtcttg cccagctaca acaaccacct gtacaaacga 360

atccaaggac ccagcggagg cgacaacaac aacaaattct ttggattcag cacccctgg 420

ggatactttg actacaatcg attccactgc cacttttccc cgcgagactg gcaacgactc 480

atcaacaaca actggggcat ccgtcccaaa gcgatgcgct ttagactctt taacatccag 540

gttaaagagg tcacggtcca agacttcaac accaccatcg gcaacaacct caccagtacg 600

gtccaggtct ttgcggacaa ggactaccaa ctgccgtacg tcctcggatc ggctaccgaa 660

ggcaccttcc cgccgttccc agcggatatc tacacgatcc cgcagtacgg gtactgcacg 720

ctaaactaca acaacgaggc ggtggatcgt tcggccttct actgtctgga ctactttccc 780

tcagacatgc tgcggacagg aaataacttt gagtttactt acaccttcga ggacgttcct 840

ttccatagca tgtttgccca caaccagacg ctagaccggc tgatgaatcc cctcgtggat 900

cagtacctct gggctttcag ctccgtcagc caagcaggct catctggacg agctcttcat 960

tactcgcggg cgactaaaac caacatggcg gctcaatata ggaactggtt acctgggcct 1020

ttcttccgtg atcagcaaat ctttacgggc gctagcaaca tcactaaaaa taacgtcttt 1080

agcgtttggg aaaaaggcaa gcaatgggaa ctcgacaatc ggaccaacct aatgcagccc 1140

ggtcctgcgg cagcgaccac ctttagcgga gaacctgacc gtcaagccat gcaaaacacg 1200

ctggctttta gcaggaccgt ctacgatcaa acgaccgcca cgaccgatcg taaccagata 1260

ctcatcacca acgaagacga aatcagaccc accaactcgg tcggtatcga cgcgtgggga 1320

gcagttccca ccaacaacca gtcgatcgtg acccccggca ctcgcgcggc cgtcaacaat 1380

caaggggcgc ttcccgggat ggtgtggcaa aacagagaca tttaccctac agggacccat 1440

ttggccaaaa ttcccgacac tgacaatcac ttccatccgt ccccgcttat tgggcggttt 1500

ggctgcaagc atccccctcc ccagattttc attaaaaaca cacccgtccc tgccaaccct 1560

tcggaaacgt tccagacggc caaagtggcc tccttcatca accagtactc gaccggacag 1620

tgcaccgtcg aaatcttttg ggaactcaag aaggaaacct ccaagcgctg gaaccccgaa 1680

atccagttca cctccaactt tggcaacgcg gccgacatcc agtttgccgt ctccgacacg 1740

ggatcctatt ccgaacctcg tcccatcggt acccgttacc ttaccaaacc tctgtaa 1797

<210> 543

<211> 1989

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 543

atgaggtcgt actacgaggt catcgttcag ctgcccaacg acgtcgagag tcaggtacct 60

ggaatctccg attcgttcgt caactggatt acgtcgcgag aatggacgtt gcctgaggac 120

gccgattggg atttggacca ggtcgatcaa gttcaactga cgctcggcga caaaatccaa 180

cgggagattc gaactcattg ggggacgatg gccaaagaac cggactttca ctattttatc 240

caactggaac aaggtgaggt gttctttcat ttacacgtcc tgctggaaac gtgttccgta 300

aagccgatgg tactcggaag atatatccga catattcaac aaaaaattgt gagtaaagtc 360

tactgcgcca cgagcctacg atggaaggat ggatgcgtgg tgaccaagac caaaaatttc 420

gggggcgcga acaaggtccg ggccgagtcg tatattcccg cctacctgat cccgaaacag 480

caaccggaag tgcagtgggc gtggactaac gtgcccgagt atataaaagc gtgcttgcac 540

cgagaactgc gtgccagtct cgcgcgactt cacttcgagg aggcgggcgt ctcgcaatcc 600

aaggaaaatc tcgcgagaac tgcagacggc gctcccgtga tgccgacccg cgtcagcaaa 660

cgctacatgg agctcgtgga ttggctcgtg gagaagggga tcaccaccga gaaggaatgg 720

ctgctggaaa acagagaaag ctttcggagc tttcaggcct cgagcaactc ggcgcgtcag 780

atcaagacgg ccctgcaagg cgccattcag gagatgcttc tgaccaagac ggcggaggac 840

tacctcgtcg gaaaggatcc cgtctcggac gacgacatcc gtcagaaccg catctacaag 900

attctggaac tgaaccacta cgacccagcg tacgtgggga gtattttggt cgggtggtgc 960

cagaagaaat ggggcaagcg aaacacgctg tggctgttcg gacatgcgac caccggcaag 1020

accaacatcg cggaggctat tgcccatgct gtgccgttct atggatgcgt taactggacc 1080

aacgagaact ttccgttcaa cgactgcgtc gaaaaaatga ttatctggtg ggaggagggc 1140

aaaatgaccg ccaaagtggt ggaaacagcc aaggcgattc tgggaggatc tcgggtgaga 1200

gtggaccaaa aatgcaaagc ttcggttccg atcgaaccga cgccggtcat tattaccagt 1260

aacaccaaca tgtgttatgt catcgacggg aacacgacca cgttcgagca taagcagccg 1320

ttggaggaca ggatgtttaa gctcgaattg ctgactcggt tgcctgatga ctttggtaag 1380

gtgaccaaac aggaggtgcg tcaattcttc aggtggtctc aggatcacct gacccctgtg 1440

atcccagaat tcctagtgcg gaaggcggag tctcgcaaaa gacccgcccc ttccggggaa 1500

ggctatataa gcccgacaaa gcggcccgcg ctcgcagagc agcagcaggc gtcggagagc 1560

gcggacccgg ttcccaccag gtatcgtatc aaatgctcga aacattgcgg tatggataaa 1620

atgttgtttc cttgccaaat ttgtgaatcg atgaacagag atattaatat ttgtgctatt 1680

cataaaacga ccgactgtaa agagtgtttc cccgactacg gggataaaga tgatgtagaa 1740

ctacccccct gtacagaaca caacgtgtct cgttgttatc aatgtcattc gggcgaattg 1800

tatcgcgtga cttcggactc tgacgagaaa cctgcccccg agagtgatga aggcaccgag 1860

ccatcctatg ctccctgcac gattcaccac ctgatgggca agagtcacgg gttagtcact 1920

tgcgcggcgt gtcggttgaa aaatagtacg ttgcatgatg acttggatga cggtgatctc 1980

gaacaataa 1989

<210> 544

<211> 1626

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 544

atgaggtcgt actacgaggt catcgttcag ctgcccaacg acgtcgagag tcaggtacct 60

ggaatctccg attcgttcgt caactggatt acgtcgcgag aatggacgtt gcctgaggac 120

gccgattggg atttggacca ggtcgatcaa gttcaactga cgctcggcga caaaatccaa 180

cgggagattc gaactcattg ggggacgatg gccaaagaac cggactttca ctattttatc 240

caactggaac aaggtgaggt gttctttcat ttacacgtcc tgctggaaac gtgttccgta 300

aagccgatgg tactcggaag atatatccga catattcaac aaaaaattgt gagtaaagtc 360

tactgcgcca cgagcctacg atggaaggat ggatgcgtgg tgaccaagac caaaaatttc 420

gggggcgcga acaaggtccg ggccgagtcg tatattcccg cctacctgat cccgaaacag 480

caaccggaag tgcagtgggc gtggactaac gtgcccgagt atataaaagc gtgcttgcac 540

cgagaactgc gtgccagtct cgcgcgactt cacttcgagg aggcgggcgt ctcgcaatcc 600

aaggaaaatc tcgcgagaac tgcagacggc gctcccgtga tgccgacccg cgtcagcaaa 660

cgctacatgg agctcgtgga ttggctcgtg gagaagggga tcaccaccga gaaggaatgg 720

ctgctggaaa acagagaaag ctttcggagc tttcaggcct cgagcaactc ggcgcgtcag 780

atcaagacgg ccctgcaagg cgccattcag gagatgcttc tgaccaagac ggcggaggac 840

tacctcgtcg gaaaggatcc cgtctcggac gacgacatcc gtcagaaccg catctacaag 900

attctggaac tgaaccacta cgacccagcg tacgtgggga gtattttggt cgggtggtgc 960

cagaagaaat ggggcaagcg aaacacgctg tggctgttcg gacatgcgac caccggcaag 1020

accaacatcg cggaggctat tgcccatgct gtgccgttct atggatgcgt taactggacc 1080

aacgagaact ttccgttcaa cgactgcgtc gaaaaaatga ttatctggtg ggaggagggc 1140

aaaatgaccg ccaaagtggt ggaaacagcc aaggcgattc tgggaggatc tcgggtgaga 1200

gtggaccaaa aatgcaaagc ttcggttccg atcgaaccga cgccggtcat tattaccagt 1260

aacaccaaca tgtgttatgt catcgacggg aacacgacca cgttcgagca taagcagccg 1320

ttggaggaca ggatgtttaa gctcgaattg ctgactcggt tgcctgatga ctttggtaag 1380

gtgaccaaac aggaggtgcg tcaattcttc aggtggtctc aggatcacct gacccctgtg 1440

atcccagaat tcctagtgcg gaaggcggag tctcgcaaaa gacccgcccc ttccggggaa 1500

ggctatataa gcccgacaaa gcggcccgcg ctcgcagagc agcagcaggc gtcggagagc 1560

gcggacccgg ttcccaccag attggttgga gcggttggtc aaaaagggag tgaatgctgc 1620

agctga 1626

<210> 545

<211> 1323

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 545

atggagctcg tggattggct cgtggagaag gggatcacca ccgagaagga atggctgctg 60

gaaaacagag aaagctttcg gagctttcag gcctcgagca actcggcgcg tcagatcaag 120

acggccctgc aaggcgccat tcaggagatg cttctgacca agacggcgga ggactacctc 180

gtcggaaagg atcccgtctc ggacgacgac atccgtcaga accgcatcta caagattctg 240

gaactgaacc actacgaccc agcgtacgtg gggagtattt tggtcgggtg gtgccagaag 300

aaatggggca agcgaaacac gctgtggctg ttcggacatg cgaccaccgg caagaccaac 360

atcgcggagg ctattgccca tgctgtgccg ttctatggat gcgttaactg gaccaacgag 420

aactttccgt tcaacgactg cgtcgaaaaa atgattatct ggtgggagga gggcaaaatg 480

accgccaaag tggtggaaac agccaaggcg attctgggag gatctcgggt gagagtggac 540

caaaaatgca aagcttcggt tccgatcgaa ccgacgccgg tcattattac cagtaacacc 600

aacatgtgtt atgtcatcga cgggaacacg accacgttcg agcataagca gccgttggag 660

gacaggatgt ttaagctcga attgctgact cggttgcctg atgactttgg taaggtgacc 720

aaacaggagg tgcgtcaatt cttcaggtgg tctcaggatc acctgacccc tgtgatccca 780

gaattcctag tgcggaaggc ggagtctcgc aaaagacccg ccccttccgg ggaaggctat 840

ataagcccga caaagcggcc cgcgctcgca gagcagcagc aggcgtcgga gagcgcggac 900

ccggttccca ccaggtatcg tatcaaatgc tcgaaacatt gcggtatgga taaaatgttg 960

tttccttgcc aaatttgtga atcgatgaac agagatatta atatttgtgc tattcataaa 1020

acgaccgact gtaaagagtg tttccccgac tacggggata aagatgatgt agaactaccc 1080

ccctgtacag aacacaacgt gtctcgttgt tatcaatgtc attcgggcga attgtatcgc 1140

gtgacttcgg actctgacga gaaacctgcc cccgagagtg atgaaggcac cgagccatcc 1200

tatgctccct gcacgattca ccacctgatg ggcaagagtc acgggttagt cacttgcgcg 1260

gcgtgtcggt tgaaaaatag tacgttgcat gatgacttgg atgacggtga tctcgaacaa 1320

taa 1323

<210> 546

<211> 960

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 546

atggagctcg tggattggct cgtggagaag gggatcacca ccgagaagga atggctgctg 60

gaaaacagag aaagctttcg gagctttcag gcctcgagca actcggcgcg tcagatcaag 120

acggccctgc aaggcgccat tcaggagatg cttctgacca agacggcgga ggactacctc 180

gtcggaaagg atcccgtctc ggacgacgac atccgtcaga accgcatcta caagattctg 240

gaactgaacc actacgaccc agcgtacgtg gggagtattt tggtcgggtg gtgccagaag 300

aaatggggca agcgaaacac gctgtggctg ttcggacatg cgaccaccgg caagaccaac 360

atcgcggagg ctattgccca tgctgtgccg ttctatggat gcgttaactg gaccaacgag 420

aactttccgt tcaacgactg cgtcgaaaaa atgattatct ggtgggagga gggcaaaatg 480

accgccaaag tggtggaaac agccaaggcg attctgggag gatctcgggt gagagtggac 540

caaaaatgca aagcttcggt tccgatcgaa ccgacgccgg tcattattac cagtaacacc 600

aacatgtgtt atgtcatcga cgggaacacg accacgttcg agcataagca gccgttggag 660

gacaggatgt ttaagctcga attgctgact cggttgcctg atgactttgg taaggtgacc 720

aaacaggagg tgcgtcaatt cttcaggtgg tctcaggatc acctgacccc tgtgatccca 780

gaattcctag tgcggaaggc ggagtctcgc aaaagacccg ccccttccgg ggaaggctat 840

ataagcccga caaagcggcc cgcgctcgca gagcagcagc aggcgtcgga gagcgcggac 900

ccggttccca ccagattggt tggagcggtt ggtcaaaaag ggagtgaatg ctgcagctga 960

<210> 547

<211> 1608

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 547

atggctgaag gaggtggcgg cccagtgggc gatgcaggcc agggtgccga tggagtgggc 60

aattcctccg gaaattggca ttgcgattcc caatggctgg aaaacggagt cgtcactcga 120

accacccgaa cctgggtctt gcccagctac aacaaccacc tgtacaaacg aatccaagga 180

cccagcggag gcgacaacaa caacaaattc tttggattca gcacccccctg gggatacttt 240

gactacaatc gattccactg ccacttttcc ccgcgagact ggcaacgact catcaacaac 300

aactggggca tccgtcccaa agcgatgcgc tttagactct ttaacatcca ggttaaagag 360

gtcacggtcc aagacttcaa caccaccatc ggcaacaacc tcaccagtac ggtccaggtc 420

tttgcggaca aggactacca actgccgtac gtcctcggat cggctaccga aggcaccttc 480

ccgccgttcc cagcggatat ctacacgatc ccgcagtacg ggtactgcac gctaaactac 540

aacaacgagg cggtggatcg ttcggccttc tactgtctgg actactttcc ctcagacatg 600

ctgcggacag gaaataactt tgagtttact tacaccttcg aggacgttcc tttccatagc 660

atgtttgccc acaaccagac gctagaccgg ctgatgaatc ccctcgtgga tcagtacctc 720

tgggctttca gctccgtcag ccaagcaggc tcatctggac gagctcttca ttactcgcgg 780

gcgactaaaa ccaacatggc ggctcaatat aggaactggt tacctgggcc tttcttccgt 840

gatcagcaaa tctttacggg cgctagcaac atcactaaaa ataacgtctt tagcgtttgg 900

gaaaaaggca agcaatggga actcgacaat cggaccaacc taatgcagcc cggtcctgcg 960

gcagcgacca cctttagcgg agaacctgac cgtcaagcca tgcaaaacac gctggctttt 1020

agcaggaccg tctacgatca aacgaccgcc acgaccgatc gtaaccagat actcatcacc 1080

aacgaagacg aaatcagacc caccaactcg gtcggtatcg acgcgtgggg agcagttccc 1140

accaacaacc agtcgatcgt gacccccggc actcgcgcgg ccgtcaacaa tcaaggggcg 1200

cttcccggga tggtgtggca aaacagagac atttacccta cagggaccca tttggccaaa 1260

attcccgaca ctgacaatca cttccatccg tccccgctta ttgggcggtt tggctgcaag 1320

catccccctc cccagatttt cattaaaaac acacccgtcc ctgccaaccc ttcggaaacg 1380

ttccagacgg ccaaagtggc ctccttcatc aaccagtact cgaccggaca gtgcaccgtc 1440

gaaatctttt gggaactcaa gaaggaaacc tccaagcgct ggaaccccga aatccagttc 1500

acctccaact ttggcaacgc ggccgacatc cagtttgccg tctccgacac gggatcctat 1560

tccgaacctc gtcccatcgg tacccgttac cttaccaaac ctctgtaa 1608

<210> 548

<211> 2232

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 548

atgtctctca tttctgatgc gattccagat tggttggagc ggttggtcaa aaagggagtg 60

aatgctgcag ctgatttcta ccatttggaa agcggtcctc ctcgtcctaa ggcaaatcag 120

caaactcaag aatctcttga aaaggacgat tcgagaggtc tcgtgttccc aggctacaat 180

tatctaggcc ctttcaacgg tctagataaa ggagaacccg tcaacgaggc agacgctgcc 240

gccttagaac acgacaaggc ttacgacctc gaaatcaagg acgggcacaa cccgtacttt 300

gagtacaacg aggccgacag acgtttccag gaacgtctca aagacgatac ctcctttgga 360

ggcaatttag gtaaagccat cttccaggcc aaaaagaggg ttctcgaacc ctttggtctg 420

gtggaagact caaagacggc tccgaccgga gacaagcgga aaggcgaaga cgaacctcgt 480

ttgcccgaca cttcttcaca gactcccaag aaaaacaaga agcctcgcaa ggaaagacct 540

tccggcgggg cagaagatcc gggcgaaggc acctcttcca acgctggagc agcagcaccc 600

gcctctagtg tgggatcatc tatcatggct gaaggaggtg gcggcccagt gggcgatgca 660

ggccagggtg ccgatggagt gggcaattcc tccggaaatt ggcattgcga ttcccaatgg 720

ctggaaaacg gagtcgtcac tcgaaccacc cgaacctggg tcttgcccag ctacaacaac 780

cacctgtaca aacgaatcca aggacccagc ggaggcgaca acaacaacaa attctttgga 840

ttcagcaccc cctggggata ctttgactac aatcgattcc actgccactt ttccccgcga 900

gactggcaac gactcatcaa caacaactgg ggcatccgtc ccaaagcgat gcgctttaga 960

ctctttaaca tccaggttaa agaggtcacg gtccaagact tcaacaccac catcggcaac 1020

aacctcacca gtacggtcca ggtctttgcg gacaaggact accaactgcc gtacgtcctc 1080

ggatcggcta ccgaaggcac cttcccgccg ttcccagcgg atatctacac gatcccgcag 1140

tacgggtact gcacgctaaa ctacaacaac gaggcggtgg atcgttcggc cttctactgt 1200

ctggactact ttccctcaga catgctgcgg acaggaaata actttgagtt tacttacacc 1260

ttcgaggacg ttcctttcca tagcatgttt gcccacaacc agacgctaga ccggctgatg 1320

aatcccctcg tggatcagta cctctgggct ttcagctccg tcagccaagc aggctcatct 1380

ggacgagctc ttcattactc gcgggcgact aaaaccaaca tggcggctca atataggaac 1440

tggttacctg ggcctttctt ccgtgatcag caaatcttta cgggcgctag caacatcact 1500

aaaaataacg tctttagcgt ttgggaaaaa ggcaagcaat gggaactcga caatcggacc 1560

aacctaatgc agcccggtcc tgcggcagcg accaccttta gcggagaacc tgaccgtcaa 1620

gccatgcaaa acacgctggc ttttagcagg accgtctacg atcaaacgac cgccacgacc 1680

gatcgtaacc agatactcat caccaacgaa gacgaaatca gacccaccaa ctcggtcggt 1740

atcgacgcgt ggggagcagt tcccaccaac aaccagtcga tcgtgacccc cggcactcgc 1800

gcggccgtca acaatcaagg ggcgcttccc gggatggtgt ggcaaaacag agacatttac 1860

cctacaggga cccatttggc caaaattccc gacactgaca atcacttcca tccgtccccg 1920

cttattgggc ggtttggctg caagcatccc cctccccaga ttttcattaa aaacacaccc 1980

gtccctgcca acccttcgga aacgttccag acggccaaag tggcctcctt catcaaccag 2040

tactcgaccg gacagtgcac cgtcgaaatc ttttgggaac tcaagaagga aacctccaag 2100

cgctggaacc ccgaaatcca gttcacctcc aactttggca acgcggccga catccagttt 2160

gccgtctccg acacgggatc ctattccgaa cctcgtccca tcggtacccg ttaccttacc 2220

aaacctctgt aa 2232

<210> 549

<211> 535

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 549

Met Ala Glu Gly Gly Gly Gly Pro Val Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala
1 5 10 15

Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp
20 25 30

Leu Glu Asn Gly Val Val Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
35 40 45

Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Ile Gln Gly Pro Ser Gly Gly
50 55 60

Asp Asn Asn Asn Lys Phe Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe
65 70 75 80

Asp Tyr Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg

85 90 95

Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ala Met Arg Phe Arg

100 105 110

Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Phe Asn Thr

115 120 125

Thr Ile Gly Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Lys

130 135 140

Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Phe

145 150 155 160

Pro Pro Phe Pro Ala Asp Ile Tyr Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys

165 170 175

Thr Leu Asn Tyr Asn Asn Glu Ala Val Asp Arg Ser Ala Phe Tyr Cys

180 185 190

Leu Asp Tyr Phe Pro Ser Asp Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu

195 200 205

Phe Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Met Phe Ala His

210 215 220

Asn Gln Thr Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu

225 230 235 240

Trp Ala Phe Ser Ser Val Ser Gln Ala Gly Ser Ser Gly Arg Ala Leu

245 250 255

His Tyr Ser Arg Ala Thr Lys Thr Asn Met Ala Ala Gln Tyr Arg Asn

260 265 270

Trp Leu Pro Gly Pro Phe Phe Arg Asp Gln Gln Ile Phe Thr Gly Ala

275 280 285

Ser Asn Ile Thr Lys Asn Asn Val Phe Ser Val Trp Glu Lys Gly Lys

290 295 300

Gln Trp Glu Leu Asp Asn Arg Thr Asn Leu Met Gln Pro Gly Pro Ala

305 310 315 320

Ala Ala Thr Thr Phe Ser Gly Glu Pro Asp Arg Gln Ala Met Gln Asn

325 330 335

Thr Leu Ala Phe Ser Arg Thr Val Tyr Asp Gln Thr Thr Ala Thr Thr
340 345 350

Asp Arg Asn Gln Ile Leu Ile Thr Asn Glu Asp Glu Ile Arg Pro Thr
355 360 365

Asn Ser Val Gly Ile Asp Ala Trp Gly Ala Val Pro Thr Asn Asn Gln
370 375 380

Ser Ile Val Thr Pro Gly Thr Arg Ala Ala Val Asn Asn Gln Gly Ala
385 390 395 400

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Pro Thr Gly Thr
405 410 415

His Leu Ala Lys Ile Pro Asp Thr Asp Asn His Phe His Pro Ser Pro
420 425 430

Leu Ile Gly Arg Phe Gly Cys Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile
435 440 445

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Phe Gln Thr Ala
450 455 460

Lys Val Ala Ser Phe Ile Asn Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val
465 470 475 480

Glu Ile Phe Trp Glu Leu Lys Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro
485 490 495

Glu Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Gly Asn Ala Ala Asp Ile Gln Phe
500 505 510

Ala Val Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr
515 520 525

Arg Tyr Leu Thr Lys Pro Leu
530 535

<210> 550

<211> 440

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 550

Met Glu Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys
1 5 10 15

Glu Trp Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser
20 25 30

Ser Asn Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln

35 40 45

Glu Met Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp
50 55 60

Pro Val Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu
65 70 75 80

Glu Leu Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly
85 90 95

Trp Cys Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly

100 105 110

His Ala Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala
115 120 125

Val Pro Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe
130 135 140

Asn Asp Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met
145 150 155 160

Thr Ala Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg

165 170 175

Val Arg Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr
180 185 190

Pro Val Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly
195 200 205

Asn Thr Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe
210 215 220

Lys Leu Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr

225 230 235 240

Lys Gln Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr

245 250 255

Pro Val Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg

260 265 270

Pro Ala Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala

275 280 285

Leu Ala Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr

290 295 300

Arg Tyr Arg Ile Lys Cys Ser Lys His Cys Gly Met Asp Lys Met Leu

305 310 315 320

Phe Pro Cys Gln Ile Cys Glu Ser Met Asn Arg Asp Ile Asn Ile Cys

325 330 335

Ala Ile His Lys Thr Thr Asp Cys Lys Glu Cys Phe Pro Asp Tyr Gly

340 345 350

Asp Lys Asp Asp Val Glu Leu Pro Pro Cys Thr Glu His Asn Val Ser

355 360 365

Arg Cys Tyr Gln Cys His Ser Gly Glu Leu Tyr Arg Val Thr Ser Asp

370 375 380

Ser Asp Glu Lys Pro Ala Pro Glu Ser Asp Glu Gly Thr Glu Pro Ser

385 390 395 400

Tyr Ala Pro Cys Thr Ile His His Leu Met Gly Lys Ser His Gly Leu

405 410 415

Val Thr Cys Ala Ala Cys Arg Leu Lys Asn Ser Thr Leu His Asp Asp

420 425 430

Leu Asp Asp Gly Asp Leu Glu Gln

435 440

<210> 551

<211> 319

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 551

Met Glu Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys
1 5 10 15

Glu Trp Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser
20 25 30

Ser Asn Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln
35 40 45

Glu Met Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp
50 55 60

Pro Val Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu
65 70 75 80

Glu Leu Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly
85 90 95

Trp Cys Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly
100 105 110

His Ala Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala
115 120 125

Val Pro Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe
130 135 140

Asn Asp Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met
145 150 155 160

Thr Ala Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg
165 170 175

Val Arg Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr
180 185 190

Pro Val Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly
195 200 205

Asn Thr Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe
210 215 220

Lys Leu Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr
225 230 235 240
Lys Gln Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr
245 250 255
Pro Val Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg
260 265 270
Pro Ala Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala
275 280 285

Leu Ala Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr
290 295 300
Arg Leu Val Gly Ala Val Gly Gln Lys Gly Ser Glu Cys Cys Ser
305 310 315
<210> 552
<211> 662
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 552
Met Arg Ser Tyr Tyr Glu Val Ile Val Gln Leu Pro Asn Asp Val Glu
1 5 10 15

Ser Gln Val Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Ile Thr Ser
20 25 30
Arg Glu Trp Thr Leu Pro Glu Asp Ala Asp Trp Asp Leu Asp Gln Val
35 40 45
Asp Gln Val Gln Leu Thr Leu Gly Asp Lys Ile Gln Arg Glu Ile Arg
50 55 60
Thr His Trp Gly Thr Met Ala Lys Glu Pro Asp Phe His Tyr Phe Ile
65 70 75 80

Gln Leu Glu Gln Gly Glu Val Phe Phe His Leu His Val Leu Leu Glu
85 90 95

Thr Cys Ser Val Lys Pro Met Val Leu Gly Arg Tyr Ile Arg His Ile
100 105 110
Gln Gln Lys Ile Val Ser Lys Val Tyr Cys Ala Thr Ser Leu Arg Trp
115 120 125
Lys Asp Gly Cys Val Val Thr Lys Thr Lys Asn Phe Gly Gly Ala Asn
130 135 140

Lys Val Arg Ala Glu Ser Tyr Ile Pro Ala Tyr Leu Ile Pro Lys Gln
145 150 155 160
Gln Pro Glu Val Gln Trp Ala Trp Thr Asn Val Pro Glu Tyr Ile Lys
165 170 175
Ala Cys Leu His Arg Glu Leu Arg Ala Ser Leu Ala Arg Leu His Phe
180 185 190
Glu Glu Ala Gly Val Ser Gln Ser Lys Glu Asn Leu Ala Arg Thr Ala
195 200 205

Asp Gly Ala Pro Val Met Pro Thr Arg Val Ser Lys Arg Tyr Met Glu
210 215 220
Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys Glu Trp
225 230 235 240
Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser Ser Asn
245 250 255
Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln Glu Met
260 265 270

Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp Pro Val
275 280 285
Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu Glu Leu
290 295 300
Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly Trp Cys
305 310 315 320
Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly His Ala
325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly Asn Thr

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Lys Leu

435 440 445

Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr Pro Val

465 470 475 480

Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala Leu Ala

500 505 510

Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr Arg Tyr

515 520 525

Arg Ile Lys Cys Ser Lys His Cys Gly Met Asp Lys Met Leu Phe Pro

530 535 540

Cys Gln Ile Cys Glu Ser Met Asn Arg Asp Ile Asn Ile Cys Ala Ile

545 550 555 560

His Lys Thr Thr Asp Cys Lys Glu Cys Phe Pro Asp Tyr Gly Asp Lys

565 570 575

Asp Asp Val Glu Leu Pro Pro Cys Thr Glu His Asn Val Ser Arg Cys

580 585 590

Tyr Gln Cys His Ser Gly Glu Leu Tyr Arg Val Thr Ser Asp Ser Asp
595 600 605

Glu Lys Pro Ala Pro Glu Ser Asp Glu Gly Thr Glu Pro Ser Tyr Ala
610 615 620

Pro Cys Thr Ile His His Leu Met Gly Lys Ser His Gly Leu Val Thr
625 630 635 640

Cys Ala Ala Cys Arg Leu Lys Asn Ser Thr Leu His Asp Asp Leu Asp
645 650 655

Asp Gly Asp Leu Glu Gln
660

<210> 553

<211> 541

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 553

Met Arg Ser Tyr Tyr Glu Val Ile Val Gln Leu Pro Asn Asp Val Glu
1 5 10 15

Ser Gln Val Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Ile Thr Ser
20 25 30

Arg Glu Trp Thr Leu Pro Glu Asp Ala Asp Trp Asp Leu Asp Gln Val
35 40 45

Asp Gln Val Gln Leu Thr Leu Gly Asp Lys Ile Gln Arg Glu Ile Arg
50 55 60

Thr His Trp Gly Thr Met Ala Lys Glu Pro Asp Phe His Tyr Phe Ile
65 70 75 80

Gln Leu Glu Gln Gly Glu Val Phe Phe His Leu His Val Leu Leu Glu
85 90 95

Thr Cys Ser Val Lys Pro Met Val Leu Gly Arg Tyr Ile Arg His Ile
100 105 110

Gln Gln Lys Ile Val Ser Lys Val Tyr Cys Ala Thr Ser Leu Arg Trp
115 120 125
Lys Asp Gly Cys Val Val Thr Lys Thr Lys Asn Phe Gly Gly Ala Asn
130 135 140
Lys Val Arg Ala Glu Ser Tyr Ile Pro Ala Tyr Leu Ile Pro Lys Gln
145 150 155 160
Gln Pro Glu Val Gln Trp Ala Trp Thr Asn Val Pro Glu Tyr Ile Lys

165 170 175
Ala Cys Leu His Arg Glu Leu Arg Ala Ser Leu Ala Arg Leu His Phe
180 185 190
Glu Glu Ala Gly Val Ser Gln Ser Lys Glu Asn Leu Ala Arg Thr Ala
195 200 205
Asp Gly Ala Pro Val Met Pro Thr Arg Val Ser Lys Arg Tyr Met Glu
210 215 220
Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys Glu Trp

225 230 235 240
Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser Ser Asn
245 250 255
Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln Glu Met
260 265 270
Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp Pro Val
275 280 285
Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu Glu Leu

290 295 300
Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly Trp Cys
305 310 315 320
Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly His Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly Asn Thr

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Lys Leu

435 440 445

Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr Pro Val

465 470 475 480

Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala Leu Ala

500 505 510

Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr Arg Leu

515 520 525

Val Gly Ala Val Gly Gln Lys Gly Ser Glu Cys Cys Ser

530 535 540

<210> 554

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221

> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 554

Met Ser Leu Ile Ser Asp Ala Ile Pro Asp Trp Leu Glu Arg Leu Val

1 5 10 15

Lys Lys Gly Val Asn Ala Ala Ala Asp Phe Tyr His Leu Glu Ser Gly

20 25 30

Pro Pro Arg Pro Lys Ala Asn Gln Gln Thr Gln Glu Ser Leu Glu Lys

35 40 45

Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Phe Pro Gly Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro

50 55 60

Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala

65 70 75 80

Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Leu Glu Ile Lys Asp Gly His

85 90 95

Asn Pro Tyr Phe Glu Tyr Asn Glu Ala Asp Arg Arg Phe Gln Glu Arg

100 105 110

Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Lys Ala Ile Phe

115 120 125

Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe Gly Leu Val Glu Asp Ser

130 135 140

Lys Thr Ala Pro Thr Gly Asp Lys Arg Lys Gly Glu Asp Glu Pro Arg

145 150 155 160

Leu Pro Asp Thr Ser Ser Gln Thr Pro Lys Lys Asn Lys Lys Pro Arg

165 170 175

Lys Glu Arg Pro Ser Gly Gly Ala Glu Asp Pro Gly Glu Gly Thr Ser

180 185 190

Ser Asn Ala Gly Ala Ala Ala Pro Ala Ser Ser Val Gly Ser Ser Ile

195 200 205

Met Ala Glu Gly Gly Gly Gly Pro Val Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala

210 215 220

Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp

225 230 235 240

Leu Glu Asn Gly Val Val Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

245 250 255

Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Ile Gln Gly Pro Ser Gly Gly
260 265 270
Asp Asn Asn Asn Lys Phe Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe
275 280 285
Asp Tyr Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg
290 295 300
Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ala Met Arg Phe Arg

305 310 315 320
Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Phe Asn Thr
325 330 335
Thr Ile Gly Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Lys
340 345 350
Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Phe
355 360 365
Pro Pro Phe Pro Ala Asp Ile Tyr Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys

370 375 380
Thr Leu Asn Tyr Asn Asn Glu Ala Val Asp Arg Ser Ala Phe Tyr Cys
385 390 395 400
Leu Asp Tyr Phe Pro Ser Asp Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu
405 410 415
Phe Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Met Phe Ala His
420 425 430
Asn Gln Thr Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu

435 440 445
Trp Ala Phe Ser Ser Val Ser Gln Ala Gly Ser Ser Gly Arg Ala Leu
450 455 460
His Tyr Ser Arg Ala Thr Lys Thr Asn Met Ala Ala Gln Tyr Arg Asn
465 470 475 480
Trp Leu Pro Gly Pro Phe Phe Arg Asp Gln Gln Ile Phe Thr Gly Ala
485 490 495
Ser Asn Ile Thr Lys Asn Asn Val Phe Ser Val Trp Glu Lys Gly Lys

500 505 510

Gln Trp Glu Leu Asp Asn Arg Thr Asn Leu Met Gln Pro Gly Pro Ala

515 520 525

Ala Ala Thr Thr Phe Ser Gly Glu Pro Asp Arg Gln Ala Met Gln Asn

530 535 540

Thr Leu Ala Phe Ser Arg Thr Val Tyr Asp Gln Thr Thr Ala Thr Thr

545 550 555 560

Asp Arg Asn Gln Ile Leu Ile Thr Asn Glu Asp Glu Ile Arg Pro Thr

565 570 575

Asn Ser Val Gly Ile Asp Ala Trp Gly Ala Val Pro Thr Asn Asn Gln

580 585 590

Ser Ile Val Thr Pro Gly Thr Arg Ala Ala Val Asn Asn Gln Gly Ala

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Pro Thr Gly Thr

610 615 620

His Leu Ala Lys Ile Pro Asp Thr Asp Asn His Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Ile Gly Arg Phe Gly Cys Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Phe Gln Thr Ala

660 665 670

Lys Val Ala Ser Phe Ile Asn Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val

675 680 685

Glu Ile Phe Trp Glu Leu Lys Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Gly Asn Ala Ala Asp Ile Gln Phe

705 710 715 720

Ala Val Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Lys Pro Leu

740

<210> 555

<211> 598

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 555

Thr Ala Pro Thr Gly Asp Lys Arg Lys Gly Glu Asp Glu Pro Arg Leu
1 5 10 15

Pro Asp Thr Ser Ser Gln Thr Pro Lys Lys Asn Lys Lys Pro Arg Lys
20 25 30

Glu Arg Pro Ser Gly Gly Ala Glu Asp Pro Gly Glu Gly Thr Ser Ser
35 40 45

Asn Ala Gly Ala Ala Ala Pro Ala Ser Ser Val Gly Ser Ser Ile Met
50 55 60

Ala Glu Gly Gly Gly Gly Pro Val Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala Asp
65 70 75 80

Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu
85 90 95

Glu Asn Gly Val Val Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser
100 105 110

Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Ile Gln Gly Pro Ser Gly Gly Asp
115 120 125

Asn Asn Asn Lys Phe Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp
130 135 140

Tyr Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu
145 150 155 160

Ile Asn Asn Asn Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ala Met Arg Phe Arg Leu
165 170 175

Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Phe Asn Thr Thr
180 185 190

Ile Gly Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Lys Asp
195 200 205

Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Phe Pro
210 215 220

Pro Phe Pro Ala Asp Ile Tyr Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Thr
225 230 235 240

Leu Asn Tyr Asn Asn Glu Ala Val Asp Arg Ser Ala Phe Tyr Cys Leu
245 250 255

Asp Tyr Phe Pro Ser Asp Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe
260 265 270

Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Met Phe Ala His Asn
275 280 285

Gln Thr Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Trp
290 295 300

Ala Phe Ser Ser Val Ser Gln Ala Gly Ser Ser Gly Arg Ala Leu His
305 310 315 320

Tyr Ser Arg Ala Thr Lys Thr Asn Met Ala Ala Gln Tyr Arg Asn Trp
325 330 335

Leu Pro Gly Pro Phe Phe Arg Asp Gln Gln Ile Phe Thr Gly Ala Ser
340 345 350

Asn Ile Thr Lys Asn Asn Val Phe Ser Val Trp Glu Lys Gly Lys Gln
355 360 365

Trp Glu Leu Asp Asn Arg Thr Asn Leu Met Gln Pro Gly Pro Ala Ala
370 375 380

Ala Thr Thr Phe Ser Gly Glu Pro Asp Arg Gln Ala Met Gln Asn Thr
385 390 395 400

Leu Ala Phe Ser Arg Thr Val Tyr Asp Gln Thr Thr Ala Thr Thr Asp
405 410 415

Arg Asn Gln Ile Leu Ile Thr Asn Glu Asp Glu Ile Arg Pro Thr Asn
420 425 430

Ser Val Gly Ile Asp Ala Trp Gly Ala Val Pro Thr Asn Asn Gln Ser

435 440 445

Ile Val Thr Pro Gly Thr Arg Ala Ala Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu
450 455 460
Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Pro Thr Gly Thr His
465 470 475 480
Leu Ala Lys Ile Pro Asp Thr Asp Asn His Phe His Pro Ser Pro Leu
485 490 495
Ile Gly Arg Phe Gly Cys Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys
500 505 510

Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Phe Gln Thr Ala Lys
515 520 525
Val Ala Ser Phe Ile Asn Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val Glu
530 535 540
Ile Phe Trp Glu Leu Lys Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu
545 550 555 560
Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Gly Asn Ala Ala Asp Ile Gln Phe Ala
565 570 575

Val Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg
580 585 590
Tyr Leu Thr Lys Pro Leu
595

<210> 556
<211> 4694
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 556
tggccagttt ccaagacagg ctcgctcgct cactcgggcc ggggccccaa aggggcccct 60
agcgaccgct tcgcggtcgc ggcccgagtg agcgagcgag cctgtcttgg aaactggcca 120

gcactccggt gaggtaatgc cgtcacgtgg tcgggaatgg gaacgggaaa tctcgcgaga 180

acgtaaacaa atataagacg gcgccacacg gcgctgcgtc atacgcgcgc gcgcaccggc 240

gagatgaggt cgtactacga ggtcatcgtt cagctgccca acgacgtcga gagtcaggta 300

cctggaatct ccgattcgtt cgtcaactgg attacgtcgc gagaatggac gttgcctgag 360

gacgccgatt gggatttgga ccaggtcgat caagttcaac tgacgctcgg cgacaaaatc 420

caacgggaga ttcgaactca ttgggggacg atggccaaag aaccggactt tcactatttt 480

atccaactgg aacaaggtga ggtgttcttt catttacacg tcctgctgga aacgtgttcc 540

gtaaagccga tggtactcgg aagatatatc cgacatattc aacaaaaaat tgtgagtaaa 600

gtctactgcg ccacgagcct acgatggaag gatggatgcg tggtgaccaa gaccaaaaat 660

ttcgggggcg cgaacaaggt ccgggccgag tcgtatattc ccgcctacct gatcccgaaa 720

cagcaaccgg aagtgcagtg ggcgtggact aacgtgcccg agtatataaa agcgtgcttg 780

caccgagaac tgcgtgccag tctcgcgcga cttcacttcg aggaggcggg cgtctcgcaa 840

tccaaggaaa atctcgcgag aactgcagac ggcgctcccg tgatgccgac ccgcgtcagc 900

aaacgctaca tggagctcgt ggattggctc gtggagaagg ggatcaccac cgagaaggaa 960

tggctgctgg aaaacagaga aagctttcgg agctttcagg cctcgagcaa ctcggcgcgt 1020

cagatcaaga cggccctgca aggcgccatt caggagatgc ttctgaccaa gacggcggag 1080

gactacctcg tcggaaagga tcccgtctcg gacgacgaca tccgtcagaa ccgcatctac 1140

aagattctgg aactgaacca ctacgaccca gcgtacgtgg ggagtatttt ggtcgggtgg 1200

tgccagaaga aatggggcaa gcgaaacacg ctgtggctgt tcggacatgc gaccaccggc 1260

aagaccaaca tcgcggaggc tattgcccat gctgtgccgt tctatggatg cgttaactgg 1320

accaacgaga actttccgtt caacgactgc gtcgaaaaaa tgattatctg gtgggaggag 1380

ggcaaaatga ccgccaaagt ggtggaaaca gccaaggcga ttctgggagg atctcgggtg 1440

agagtggacc aaaaatgcaa agcttcggtt ccgatcgaac cgacgccggt cattattacc 1500

agtaacacca acatgtgtta tgtcatcgac gggaacacga ccacgttcga gcataagcag 1560

ccgttggagg acaggatgtt taagctcgaa ttgctgactc ggttgcctga tgactttggt 1620

aaggtgacca aacaggaggt gcgtcaattc ttcaggtggt ctcaggatca cctgacccct 1680

gtgatcccag aattcctagt gcggaaggcg gagtctcgca aaagacccgc cccttccggg 1740

gaaggctata taagcccgac aaagcggccc gcgctcgcag agcagcagca ggcgtcggag 1800

agcgcggacc cggttcccac caggtatcgt atcaaatgct cgaaacattg cggtatggat 1860

aaaatgttgt ttccttgcca aatttgtgaa tcgatgaaca gagatattaa tatttgtgct 1920

attcataaaa cgaccgactg taaagagtgt ttccccgact acggggataa agatgatgta 1980

gaactacccc cctgtacaga acacaacgtg tctcgttgtt atcaatgtca ttcgggcgaa 2040

ttgtatcgcg tgacttcgga ctctgacgag aaacctgccc ccgagagtga tgaaggcacc 2100

gagccatcct atgctccctg cacgattcac cacctgatgg gcaagagtca cgggttagtc 2160

acttgcgcgg cgtgtcggtt gaaaaatagt acgttgcatg atgacttgga tgacggtgat 2220

ctcgaacaat aaatgattga aatgtagcca tgtctctcat ttctgatgcg attccagatt 2280

ggttggagcg gttggtcaaa aagggagtga atgctgcagc tgatttctac catttggaaa 2340

gcggtcctcc tcgtcctaag gcaaatcagc aaactcaaga atctcttgaa aaggacgatt 2400

cgagaggtct cgtgttccca ggctacaatt atctaggccc tttcaacggt ctagataaag 2460

gagaacccgt caacgaggca gacgctgccg ccttagaaca cgacaaggct tacgacctcg 2520

aaatcaagga cgggcacaac ccgtactttg agtacaacga ggccgacaga cgtttccagg 2580

aacgtctcaa agacgatacc tcctttggag gcaatttagg taaagccatc ttccaggcca 2640

aaaagagggt tctcgaaccc tttggtctgg tggaagactc aaagacggct ccgaccggag 2700

acaagcggaa aggcgaagac gaacctcgtt tgcccgacac ttcttcacag actcccaaga 2760

aaaacaagaa gcctcgcaag gaaagacctt ccggcggggc agaagatccg ggcgaaggca 2820

cctcttccaa cgctggagca gcagcacccg cctctagtgt gggatcatct atcatggctg 2880

aaggaggtgg cggcccagtg ggcgatgcag gccagggtgc cgatggagtg ggcaattcct 2940

ccggaaattg gcattgcgat tcccaatggc tggaaaacgg agtcgtcact cgaaccaccc 3000

gaacctgggt cttgcccagc tacaacaacc acctgtacaa acgaatccaa ggacccagcg 3060

gaggcgacaa caacaacaaa ttctttggat tcagcacccc ctggggatac tttgactaca 3120

atcgattcca ctgccacttt tccccgcgag actggcaacg actcatcaac aacaactggg 3180

gcatccgtcc caaagcgatg cgctttagac tctttaacat ccaggttaaa gaggtcacgg 3240

tccaagactt caacaccacc atcggcaaca acctcaccag tacggtccag gtctttgcgg 3300

acaaggacta ccaactgccg tacgtcctcg gatcggctac cgaaggcacc ttcccgccgt 3360

tcccagcgga tatctacacg atcccgcagt acgggtactg cacgctaaac tacaacaacg 3420

aggcggtgga tcgttcggcc ttctactgtc tggactactt tccctcagac atgctgcgga 3480

caggaaataa ctttgagttt acttacacct tcgaggacgt tcctttccat agcatgtttg 3540

cccacaacca gacgctagac cggctgatga atcccctcgt ggatcagtac ctctgggctt 3600

tcagctccgt cagccaagca ggctcatctg gacgagctct tcattactcg cgggcgacta 3660

aaaccaacat ggcggctcaa tataggaact ggttacctgg gcctttcttc cgtgatcagc 3720

aaatctttac gggcgctagc aacatcacta aaaataacgt ctttagcgtt tgggaaaaag 3780

gcaagcaatg ggaactcgac aatcggacca acctaatgca gcccggtcct gcggcagcga 3840

ccacctttag cggagaacct gaccgtcaag ccatgcaaaa cacgctggct tttagcagga 3900

ccgtctacga tcaaacgacc gccacgaccg atcgtaacca gatactcatc accaacgaag 3960
acgaaatcag acccaccaac tcggtcggta tcgacgcgtg gggagcagtt cccaccaaca 4020
accagtcgat cgtgaccccc ggcactcgcg cggccgtcaa caatcaaggg gcgcttcccg 4080
ggatggtgtg gcaaaacaga gacatttacc ctacagggac ccatttggcc aaaattcccg 4140
acactgacaa tcacttccat ccgtccccgc ttattgggcg gtttggctgc aagcatcccc 4200
ctccccagat tttcattaaa aacacacccg tccctgccaa cccttcggaa acgttccaga 4260
cggccaaagt ggcctccttc atcaaccagt actcgaccgg acagtgcacc gtcgaaatct 4320

tttgggaact caagaaggaa acctccaagc gctggaaccc cgaaatccag ttcacctcca 4380
actttggcaa cgcggccgac atccagtttg ccgtctccga cacgggatcc tattccgaac 4440
ctcgtcccat cggtacccgt taccttacca aacctctgta aattaaaccc ttcaataaac 4500
cgtttatgcg taactgtatt tccgtctcct gtcgttattc agtcacatga tgcggcatta 4560
cctcaccgga gtgctggcca gtttccaaga caggctcgct cgctcactcg ggccggggcc 4620
ccaaaggggc ccctagcgac cgcttcgcgg tcgcggcccg agtgagcgag cgagcctgtc 4680
ttggaaactg gcca 4694

<210> 557
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 557
atggctgctg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttc 300

cagcagcggc ttcagggcga cacatcgttt gggggcaacc tcggcagagc agtcttccag 360
gccaaaaaga gggttcttga acctcttggt ctggttgagc aagcgggtga gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccgttgat tgaatccccc cagcagcccg actcctccac gggtatcggc 480

aaaaaaggca agcagccggc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtaccgg aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 558

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 558

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 559

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 559

atggcttccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcatccgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca gagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgtcccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 560

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 560

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Arg Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

```
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
    290                 295                 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305                 310                 315                 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
                325                 330                 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
            340                 345                 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
        355                 360                 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
    370                 375                 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385                 390                 395                 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
                405                 410                 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
            420                 425                 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
        435                 440                 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
    450                 455                 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
                485                 490                 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
```

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 561

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 561

atggctgctg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttc 300

cagcagcggc ttcagggcga cacatcgttt gggggcaacc tcggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctcttggt ctggttgagc aagcgggtga gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccgttgat tgaatccccc cagcagcccg actcctccac gggtatcggc 480

aaaaaaggca agcagccggc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtaccgg aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccaactggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ctgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgccatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 562

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 562

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Thr Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 563
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 563
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcaatcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt cgacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgat 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca taaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac attgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtccccagta a 2211

<210> 564

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 564

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Ile Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Gln

725 730 735

<210> 565

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 565

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac cttcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt accggcagca gtgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagc 2040
gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 566
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 566

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Cys Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 567

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 567

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gaatggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag tcaaccagca aaagcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac cttcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggacgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccaactggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ctgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgccatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 568

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 568

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Val Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Thr Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 569

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (955)..(955)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (971)..(972)

<223> a, c, t, or g

<220

><221> modified_base

<222> (981)..(981)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (986)..(986)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (1235)..(1235)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (1694)..(1696)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (1698)..(1698)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (1763)..(1765)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (1778)..(1778)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (2204)..(2204)

<223> a, c, t, or g

<400> 569

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gaatggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag tcaaccagca aaagcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac cttcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggacgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaataaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacntccaa 960

gtcaaggagg nnacgacgaa ngatgncgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt acctncagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccaactggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag agannncnaa gccactaacc ccgtggccac tgaaagattt gggactgtgg 1740

cagtcaatct ccaagcagca cannnaccct gcgaccgnag atgtgcatgc catgggagcc 1800

ttacctggaa tggtgtggca agacagagac gtatacctgc agggtcctat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggatggaca ctttcacccg tctcctctca tgggcggctt tggacttaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag 1980

ttttcggcta caaagtttgc ttcattcatc acccagtatt ccacaggaca agtgagcgtg 2040

gagattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatcccga agtgcagtat 2100

acatctaact atgcaaaatc tgccaacgtt gatttcactg tggacaacaa tggactttat 2160

actgagcctc gccccattgg cacccgttac ctcacccgtc cccngtaa 2208

<210> 570

<211> 723

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 570

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Val Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Thr Thr Asp Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350
Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr Gln Asn Gln Ser
435 440 445
Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser Arg Gly Ser Pro Thr
450 455 460

Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495
Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Glu Ser Ile

500 505 510

Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Glu Asp Lys

515 520 525

Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly Lys Glu Ser Ala Gly

530 535 540

Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile Thr Asp Glu Glu Ala

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Pro Ala Thr Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly

580 585 590

Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala

595 600 605

Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly

610 615 620

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr

625 630 635 640

Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln

675 680 685

Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp

690 695 700

Asn Asn Gly Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro

<210> 571

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 571

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggtc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacgct ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 572

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 572

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asp Ala Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 573

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 573

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcaaac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcgggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac gaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

acagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 574

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 574

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asn Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Arg Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asp Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 575
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 575
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt cgacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaata actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgat 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acggacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcactcaat actccacagg acaagtgagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 576

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 576

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 577

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 577

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asp Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asn Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Gln

725 730 735

<210> 578

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 578

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggaacgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cggaaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atcagtaa 2208

<210> 579

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 579

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg atccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtatgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 580

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 580

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asp Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 581

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 581

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atgactgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcaactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 582

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 582

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggggcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacgggcgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tggaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 583

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 583

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggactcg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattgac aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcggactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 584

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 584

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcctccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

atccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccag gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 585

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 585

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacag ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acctagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaagaaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaacac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 586

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 586

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacgg gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 587

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 587

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agtagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

atttcggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 588

<211> 2580

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 588

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct cgggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcacccca tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggaact 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

<210> 589

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 589

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtctttcag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcatgtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 590

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 590

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cgatcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacgtacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400
gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460
gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520
tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580
cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 591
<211> 2601
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 591
ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60
tctcgccacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120
cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180
tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240
cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300
gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360
tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480
tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540
agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600
caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660
tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720
acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780
gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900
aatcggagaa cctcccgctg ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960
tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacatga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca atgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcctggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc atggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 592

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 592

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 593

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 593

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagcg 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 594

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 594

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcgcgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 595

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 595

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa attgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccagtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattgcaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 596

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 596

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgtctgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgat aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220
caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280
cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340
gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400
gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460
gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520
tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 597
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 597

Met Thr Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Gln Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 598
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 598
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Gly Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Gly Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 599
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 599
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Asp
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 600

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 600

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Leu Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Ser Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 601

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 601

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Arg Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Lys Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 602

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 602

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Arg Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 603

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 603

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Val Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 604

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 604

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Arg Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 605

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 605

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Cys Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 606
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 606
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Ile Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Tyr Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 607
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 607
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro His Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Asn

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Met Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 608
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 608

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 609
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 609
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Arg Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 610
<211> 736
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 610

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 611

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 611

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Ile Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Cys Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 612

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 612

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 613

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 613

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttcg gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctgggaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 614

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 614

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccgcttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacgcccctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 615
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 615

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcagcgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccgcgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 616

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 616

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac acggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 617

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 617

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcggctca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtagcaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggcagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

cacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 618

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 618

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaggct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aagccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctccccagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 619
<211> 2205
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 619
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgcccgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tggaggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960
gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggcct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg gtatctgacg 1140

cttaatgatg gaagccaggc cgtgggtcgt tcgtcctttt actgcctgga atatttcccg 1200

tcgcaaatgc taagaacggg taacaacttc cagttcagct acgagtttga gaacgtacct 1260

ttccatagca gctacgctca cagccaaagc ctggaccgac taatgaatcc actcatcgac 1320

caatacttgt actatctctc aaagactatt aacggttctg gacagaatca acaaacgcta 1380

aaattcagtg tggccggacc cagcaacatg gctgtccagg gaagaaacta catacctgga 1440

cccagctacc gacaacaacg tgtctcaacc actgtgactc aaaacaacaa cagcgaattt 1500

gcttggcctg gagcttcttc ttgggctctc aatggacgta atagcttgat gaatcctgga 1560

cctgctatgg ccagccacaa agaaggagag gaccgtttct ttcctttgtc tggatcttta 1620

atttttggca aacaaggaac tggaagagac aacgtggatg cggacaaagt catgataacc 1680

aacgaagaag aaattaaaac tactaacccg gtagcaacgg agtcctatgg acaagtggcc 1740

acaaaccacc agagtgccca agcacaggcg cagaccggct gggttcaaaa ccaaggaata 1800

cttccgggta tggtttggca ggacagagat gtgtacctgc aaggacccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggacggcaa ctttcaccct tctccgctga tgggagggtt tggaatgaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acacctgtac ctgcggatcc tccaacggcc 1980

ttcaacaagg acgagctgaa ctctttcatc acccagtatt ctactggcca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaacccgga gatccagtac 2100

acttccaact attacaagtc taataatgtt gaatttgctg ttaatactga aggtgtatat 2160

agtgaacccc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctg 2205

<210> 620

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 620

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gacaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg gtatctgacg 1140

cttaatgatg gaagccaggc cgtgggtcgt tcgtcctttt actgcctgga atatttcccg 1200

tcgcaaatgc taagaacggg taacaacttc caattcagct acgagtttga gaacgtacct 1260

ttccatagca gctacgctca cagccaaagc ctggaccgac taatgaatcc actcatcgac 1320

caatacttgt actatctctc aaagactatt aacggttctg gacagaatca acaaacgcta 1380

aaattcagtg tggccggacc cagcaacatg gctgtccagg gaagaaacta catacctgga 1440

cccagctacc gacaacaacg tgtctcaacc actgtgactc aaaacaacaa cagcgaattt 1500

gcttggcctg gagcttcttc ttgggctctc aatggacgta atagcttgat gaatcctgga 1560

cctgctatgg ccagccacaa agaaggagag gaccgtttct ttcctttgtc tggatcttta 1620

atttttggca aacaaggaac tggaagagac aacgtggatg cggacaaagt catgataacc 1680

aacgaagaag aaattaaaac tactaacccg gtagcaacgg agtcctatgg acaagtggcc 1740

acaaaccacc agagtgccca agcacaggcg cagaccggct gggttcaaaa ccaaggaata 1800

cttccgggta tggtttggca ggacagagat gtgtacctgc aaggacccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggacggcaa ctttcaccct tctccgctga tgggagggtt tggaatgaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acacctgtac ctgcggatcc tccaacggcc 1980

ttcaacaagg acaagctgaa ctctttcatc acccagtatt ctactggcca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaacccgga gatccagtac 2100

acttccaact attacaagtc taataatgtt gaatttgctg ttaatactga aggtgtatat 2160

agtgaacccc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctg 2205

<210> 621

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 621

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagccatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgaca 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 622

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 622

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaatgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

accaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg gctcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 623

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 623

atggctgccg atggttattt tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa tctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatctc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgctg tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 624

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 624

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ccggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagcg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 625

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 625

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ccggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcggcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 626

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 626

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacctgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 627

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 627

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caagaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 628

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (1325)..(1325)

<223> a, c, t, or g

<400> 628

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaccagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccnatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg atatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 629

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 629

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcta caaagaagga gaggacagtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagac cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 630
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 630

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatatcttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttcg gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctgggaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 631

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 631

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaggg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agccgacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactgt cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaacgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccca tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 632

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 632

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taagaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccacccatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatggtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 633

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 633

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ccggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 634

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 634

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc aattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccggcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaag aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 635

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 635

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac agataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggtaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtatcggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagaccg tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtggac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 636

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 636

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 637

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 637

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acgtcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggagg caacccgtgc ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

agatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaaggcca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attgacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatggatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacgggcgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 638

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 638

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gcctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 639

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 639

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacaacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcctcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgagatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctacta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 640

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 640

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg tgcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcacga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tgggccccga tacctgactc gtaatttt 2208

<210> 641

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 641

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacaacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgagatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 642
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 642
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcgagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagtcca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgcctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaaggg gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 643

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 643

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccccccagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcggaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attagcggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa cagcagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atactttcgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 644

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 644

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 645

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 645

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 646

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 646

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcgacta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcagggcaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 647

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 647

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 648

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 648

atggctgccg atggttatcc tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccgggga caacccgcac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcccgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taagaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacactgag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaggct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 649

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 649

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcggaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagttt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 650

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 650

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatatcttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acttacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcaccaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatatc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 651

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 651

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttta gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttctg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcgaacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttgaaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 652
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 652
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatag cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcgaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct tttcaacatt 960
cgggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcaccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgcttgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcgaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 653

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 653

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggcg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

ccagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcgggc gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgcga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 654

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 654

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgggttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag tccctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg agctggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 655

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (377)..(377)

<223> a, c, t, or g

<400> 655

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagaggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcntga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcggggaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcccggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 656

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 656

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 657

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 657

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccag agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct ggactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggtgatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 658

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 658

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtggggcct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgtcgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtt acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ccacaaagct tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 659

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 659

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagagac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcgttc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 660

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 660

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ccgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgggg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tcccatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 661

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 661

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacgacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgcgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggcc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acggacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 662

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 662

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cggctcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tcccatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg ggagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgacttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 663

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 663

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccgcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgctg tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 664

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 664

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcaactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcac cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccgac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 665

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 665

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccgcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc acttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cctccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ccacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgacgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 666

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 666

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca agagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctacggga 1800

acattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa accacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacga caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 667

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 667

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcta caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc acttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacga caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 668

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 668

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagctccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc actttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagcgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcgaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccgt tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 669

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 669

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccatac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaaa tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cactttccac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgtcgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggtccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 670

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 670

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc acgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgggc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 671

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 671

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg ccccaggaaa ttggcattgc gactccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc acttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcacagcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acaggcgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 672
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 672

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cagactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaggaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcgcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcggccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatatagc ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gggcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgccatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 673

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 673

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcgg cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaactct accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

acattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 674

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 674

atggctgccg atggttatct cccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcagcgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaagagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc acttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 675

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 675

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag gggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 676

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 676

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg tttatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcccgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag caacacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 677

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 677

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tacaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cgacacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 678

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 678

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcagggc 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccaaca ctcgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gttacgggca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatct tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtttgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 679

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 679

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccaaca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaatg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgcggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 680

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 680

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacgggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtccgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 681

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (305)..(305)

<223> a, c, t, or g

<400> 681

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggngcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcgg cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggccacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgtcccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag caacacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 682

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 682

atggctgccg atggttattt tccagattgg ctcgaggaca acctttctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aggacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcga cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg tgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcccagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatagtgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 683

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 683

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaacc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagactacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 684

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 684

atggctgccg atggttatcc tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagtcccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 685

<211> 2196

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 685

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagcct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

ccatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctt 2196

<210> 686

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 686

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140
ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200
tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactctcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 687

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 687

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

ctatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggaact tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 688

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 688

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca gcctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacgatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

cccaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caataccagt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 689

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 689

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacgggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtccgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 690

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 690

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780
tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380
cagttttctc gggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctg 2205

<210> 691

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 691

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Asp Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Val Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Gly Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Pro

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 692
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 692
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Arg Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Ile Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 693
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 693
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Ser Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Ser Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asp Val Asp Ala Asp Lys Val Ile Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 694
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 694
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Gly Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Gly Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Val
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gly Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Ser Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 695
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 695

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Val

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser His Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly His Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Gly Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 696

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 696

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn Arg Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Pro Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 697

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 697

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 698

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 698

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 699

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 699

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Leu Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Lys Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 700

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 700

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 701

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 701

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Gly Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 702

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 702

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

```
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
            260                 265                 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
        275                 280                 285
Phe His Cys Arg Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
    290                 295                 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305                 310                 315                 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
                325                 330                 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
            340                 345                 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
        355                 360                 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
    370                 375                 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
```

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Ala Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 703

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 703

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 704

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 704

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Thr Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 705
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 705

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Ser Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Ala Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln His Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 706

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 706

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Arg Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 707
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 707

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Arg Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Ala Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe
405 410 415
Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys
435 440 445
Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val
450 455 460

Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly
465 470 475 480
Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu
515 520 525

Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr
565 570 575
Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr
580 585 590

Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp
645 650 655

Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Glu Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 708

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 708

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Asp Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe
405 410 415

Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys
435 440 445
Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val
450 455 460
Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly
465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu
515 520 525
Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr
565 570 575
Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr

580 585 590

Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp

645 650 655

Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 709

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 709

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Ala Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Thr
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 710

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 710

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Thr Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Gly Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 711

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 711

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Phe Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Ser Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Leu
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 712
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 712
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Pro Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Ala Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 713
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 713
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Pro Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Arg Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 714

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 714

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Leu Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 715
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 715

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
```

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 716

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (442)..(442)

<223> Any naturally occurring amino acid

<400> 716

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Thr Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Xaa Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Asp Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 717

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 717

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 718
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 718
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Gly Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 719
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 719
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Arg Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Cys Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

His Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 720

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 720

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Pro Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Gly Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 721

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 721

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Arg Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 722

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 722

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asn Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Gly Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 723

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 723

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Val Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Gly Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 724

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 724

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

```
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
            260                 265                 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
        275                 280                 285
```

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 725

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 725

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Arg Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Gly Asn Pro Cys Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Arg Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Ala Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asp Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asp Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Gly Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 726

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 726

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Pro Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 727

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 727

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asn Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Pro Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Arg Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Thr Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 728

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 728

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Val His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Pro Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Phe
725 730 735

<210> 729

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 729

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asn Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Arg Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 730
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 730

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Glu Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Ser Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Ala Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 731

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 731

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Pro Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Ser Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Ser Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Ser Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 732
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 732
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 733

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 733

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 734

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 734

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Asp Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 735

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 735

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 736

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 736

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Pro Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro His Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Arg Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 737
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 737
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 738
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 738
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Thr Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Ile

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 739

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 739

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Ser Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asn Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Glu Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 740
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 740

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Ile Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
```

245 250 255

Tyr Lys Arg Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Arg Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Thr Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Arg Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 741

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 741

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Gly Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Ala Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 742

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 742

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Gly Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Val Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 743

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (126)..(126)

<223> Any naturally occurring amino acid

<400> 743

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Arg Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Xaa Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Pro

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 744
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 744
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 745
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 745

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asp Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Val Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 746

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 746

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Val Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 747

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 747

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Arg Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 748

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 748

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Pro Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 749

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 749

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Arg Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

```
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
    290                 295                 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305                 310                 315                 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
                325                 330                 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
            340                 345                 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
        355                 360                 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
    370                 375                 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385                 390                 395                 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
                405                 410                 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
            420                 425                 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
        435                 440                 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
    450                 455                 460

Arg Gly Pro Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
```

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 750

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 750

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Gly Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Pro Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 751

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 751

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 752

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 752

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Gln Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Thr Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asp Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 753

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 753

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Pro Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly His Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 754

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 754

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Glu Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Thr Gly Thr Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Thr Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asp Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 755
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 755

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Leu Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asp Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 756

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 756

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Ala Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Val Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 757
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 757

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asn Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Pro Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Ser Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 758

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 758

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Thr Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Gly Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 759

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 759

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Pro Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

```
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
    290                 295                 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305                 310                 315                 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
                325                 330                 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
            340                 345                 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
        355                 360                 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
    370                 375                 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385                 390                 395                 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
                405                 410                 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
            420                 425                 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
        435                 440                 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
    450                 455                 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
                485                 490                 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
```

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Gly Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 760

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 760

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Arg Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Arg Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Gly Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Ser Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Gly Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Ala Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 761

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 761

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Gly Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Ser Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Thr Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 762
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 762
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Glu Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 763
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 763
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Gly Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 764

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 764

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Pro Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Asn Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 765
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 765

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
```

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Asp Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 766

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 766

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Gly Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Asn Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Gly His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Leu Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Phe Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 767

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 767

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Asn Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Met Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Ala Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 768

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 768

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 769

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (102)..(102)

<223> Any amino acid

<400> 769

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Xaa Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Gly Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly His Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Ser Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Asn Thr Asp Pro Ala

580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 770
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 770

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Phe Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Arg Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Pro Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 771

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 771

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Thr Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Tyr

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 772

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 772

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Pro Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Val Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 773

<211> 732

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 773

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Ala Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Pro Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

725 730

<210> 774

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 774

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

```
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
            260                 265                 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
        275                 280                 285
```

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Ser His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 775

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 775

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Thr Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 776

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 776

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Ser Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Pro Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Gln Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 777

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 777

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 778
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 778
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Arg

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 779

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 779

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcccggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcaccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 780

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 780

atggctgctg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actgttgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcaactc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tcctttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 781

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 781

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccggccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acggcaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagtg tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 782

<211> 2212

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (1283)..(1283)

<223> a, c, t, or g

<400> 782

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gaccgggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgccttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacggcagct acgctcacag ccngagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagacttttc aaagactgct aacgacaaca acaacagtaa 1500

ctttccttgg acagcggcca gcaaatatca tctcaatggc cgcgactcgc tggtgaatcc 1560
aggaccagct atggccagtc acaaggacga tgaagaaaaa ttttttccta tgcacggcaa 1620
tctaatattt ggcaaagaag ggacaacggc aagtaacgca gaattagata atgtaatgat 1680
tacggatgaa gaagagattc gtaccaccaa tcctgtggca acagagcagt atggaactgt 1740
ggcaaataac ttgcagagct caaatacagc tcccacgact agaactgtca atgatcaggg 1800
ggccttacct ggcatggtgt ggcaagatcg tgacgtgtac cttcaaggac ctatctgggc 1860
aaagattcct cacacggatg gacactttca tccttctcct ctgatgggag gctttggact 1920

gaaacatccg cctcctcaaa tcatgatcaa aaatactccg gtaccggcaa atcctccgac 1980
gactttcagc ccggccaagt ttgcttcatt tatcactcag tactccactg gacaggtcag 2040
cgtggaaatt gagtgggagc tacagaaaga aaacagcaaa cgttggaatc cagagattca 2100
gtacacttcc aactacaaca agtctgttaa tgtggacttt actgtagaca ctaatggtgt 2160
ttatagtgaa cctcgcccta ttggaacccg gtatctcaca cgaaactcgt aa 2212

<210> 783
<211> 2212
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 783
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60
gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120
aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180
aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240
cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480
aaatcgggca aacagcttgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccatctcta caagcaaatc 780

tccggccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatccc 1560

aggaccagct atggccagtc acaaggacga tgaagaaaaa tttttcccta tgcacggcaa 1620

tctaatattt ggcaaagaag ggacaacggc aagtaacgca gaattagata atgtaatgat 1680

tacggatgaa gaagagattc gtaccaccaa tcctgtggca acagagcagt atggaactgt 1740

ggcaaataac ttgcagagct caaatacagc tcccacgact agaactgtca atgatcaggg 1800

ggccttacct ggcatggtgt ggcaagatcg tgacgtgtac cttcaaggac ctatctgggc 1860

aaagattcct cacacggatg gacactttca tccttctcct ctgatgggag gctttggact 1920

gaaacatccg cctcctcaaa tcatgatcaa aaatactccg gtaccggcaa atcctccgac 1980

gactttcagc ccggccaagt ttgcttcatt tatcactcag tactccactg gacaggtcag 2040

cgtggaaatt gagtgggagc tacagaaaga aaacagcaaa cgttggaatc cagagattca 2100

gtacacttcc aactacaaca agtctgttaa tgtggacttt actgtagaca ctaatggtgt 2160

ttatagtgaa cctcgcccta ttggaacccg gtatctcaca cgaaacttgt aa 2212

<210> 784

<211> 2212

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 784

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtgc ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tagcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tggatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaaggacga tgaagaaaaa tttttcccta tgcacggcaa 1620

tctaatattt ggcaaagaag ggacaacggc aagtaacgca gaattagata atgtaatgat 1680

tacggatgaa gaagagattc gtaccaccaa tcctgtggca acagagcagt atggaactgt 1740

ggcaaataac ttgcagagct caaatacagc tcccacgact agaactgtca atgatcaggg 1800

ggccttacct ggcatggtgt ggcaagatcg tgacgtgtac cttcaaggac ctatctgggc 1860

aaagattcct cacacggatg gacactttca tccttctcct ctgatgggag gctttggact 1920

gaaacatccg cctcctcaaa tcatgatcaa aaatactccg gtaccggcaa atcctccgac 1980

gactttcagc ccggccaagt ttgcttcatt tatcactcag tactccactg gacaggtcag 2040

cgtggaaatt gagtgggagc tacagaaaga aaacagcaaa cgttggaatc cagagattca 2100

gtacacttcc aactacaaca agtctgttaa tgtggacttt actgtagaca ctaatggtgt 2160

ttatagtgaa cctcgcccta ttggaacccg gtatctcaca cgaaacctgt aa 2212

<210> 785

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 785

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcaa cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 786

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 786

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagtgcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920
aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980
actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100
tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160
tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 787
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 787
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60
gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120
aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180
aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240
cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360
gccaaaaagg ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480
aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600
aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgt tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagttcg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgaa cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 788

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 788

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

gaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 789

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 789

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggt 840

attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag cgactcatta 900

acaacaactg gggattccgg cccaagaaac tcagcttcaa gctcttcaac atccaagtta 960

aagaggtcac gcagaacgat ggcacgacga ctattgccaa taaccttacc agcacggttc 1020

aagtgtttac ggactcggag tatcagctcc cgtacgtgct cgggtcggcg caccaaggct 1080

gtctcccgcc gtttccagcg gacgccttca tggtccctca gtatggatac ctcaccctga 1140

acaacggaag tcaagcggtg ggacgctcat ccttttactg cctggagtac ttcccttcgc 1200

agatgctaag gactggaaat aacttccaat tcagctatac cctcgaggat gtacctttc 1260

acagcagcta cgctcacagc cagagtttgg atcgcttgat gaatcctctt attgatcagt 1320

atctgtacta cctgaacaga acgcaaggaa caacctctgg aacaaccaac caatcacggc 1380

tgctttttag ccaggctggg cctcagtcta tgtctttgca ggccagaaat tggctacctg 1440

ggccctgcta ccggcaacag agactttcaa agactgctaa cgacaacaac aacagtaact 1500

ttccttggac agcggccagc aaatatcatc tcaatggccg cgactcgctg gtgaatccag 1560

gaccagctat ggccagtcac aaaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagatag tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 790

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 790

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaggg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

actggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acctttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgctacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 791

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 791

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttcttac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcgt gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctcctttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcgacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 792

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 792

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacgag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgctacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 793

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 793

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acggaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattccc caccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggcgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 794

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 794

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctaccgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 795

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 795

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttca gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc ccttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ccggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaata actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgcccg gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 796

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 796

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaggctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cggaggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 797

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 797

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atcctccggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgcta gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 798

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 798

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgaca ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagagc 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 799
<211> 2175
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 799

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ctgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg tccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgccgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtgca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctattggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 800

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 800

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacaccga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggcg cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 801

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 801

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacggggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagcgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccа gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 802

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 802

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttactagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagggggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaag cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 803

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 803

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg tccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

gagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctattggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 804

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 804

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacagcgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accgccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 805

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 805

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ctgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatgacc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtaccccc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacagg accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 806

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 806

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcctctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat gaagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 807

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 807

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaggcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca ccccgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatgggggа cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 808
<211> 2175
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 808
atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

ttttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

cacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gtcgaacggc atgaccaaca acctccgggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 809

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 809

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca gcgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

acgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cagactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 810

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 810

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc gcgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggcg gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatac caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 811

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 811

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggtagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcggca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggggcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccctcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 812

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 812

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgagccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccа gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatgcaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 813

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 813

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatcct caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtgggccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac gagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggc caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 814

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 814

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg cctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accatcatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgcccccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccа gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 815

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 815

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcctc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 816

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 816

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg ccaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcgggcgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatgggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

ggctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataata ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 817

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 817

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagcctccca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccgcc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 818
<211> 2175
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 818
atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gccgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgcgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 819

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 819

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagcctccca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 820

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 820

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagcctccca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgccgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt cgccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 821

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 821

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgcgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccа gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 822

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 822

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gctgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag ccaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aaccttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggtgcaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccggagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 823

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 823

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aggcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgggactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgcgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa gggaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccа gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 824

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 824

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac gtccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggtgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 825

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (1652)..(1652)

<223> a, c, t, or g

<400> 825

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga ggaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcagcat gctcatcacc ancgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 826

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 826

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 827

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 827

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc aacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 828

<211> 2234

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 828

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

ttttt gggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaaccgtgta ttcgtgtcag 2220
taaaatactg cctc 2234

<210> 829
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 829

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Pro Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 830

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 830

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 831

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 831

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Gly Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Gly Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Cys Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 832

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 832

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Ala Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Gly Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

```
    450                 455                 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
            500                 505                 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
    530                 535                 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545                 550                 555                 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
                565                 570                 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
            580                 585                 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
        595                 600                 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625                 630                 635                 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
            660                 665                 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Ser
725 730 735

<210> 833
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 833

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Leu Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Gly Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 834

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 834

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Cys Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

```
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145                 150                 155                 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Ser
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
            260                 265                 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
        275                 280                 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
    290                 295                 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305                 310                 315                 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
                325                 330                 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
            340                 345                 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
```

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asp Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 835
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 835
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asn Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 836
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 836
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Val Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 837

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 837

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Gly Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Phe Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Ser Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr Thr
580 585 590

Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 838

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 838

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Glu Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 839

<211> 668

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 839

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Ile Leu Thr Leu Thr Asp Ser Thr
275 280 285
Ala Thr Ser His His Val Thr Gly Ser Asp Ser Leu Thr Thr Thr Gly
290 295 300

Asp Ser Gly Pro Arg Asn Ser Ala Ser Ser Ser Ser Thr Ser Lys Leu
305 310 315 320
Lys Arg Ser Arg Arg Thr Met Ala Arg Arg Leu Leu Pro Ile Thr Leu
325 330 335
Pro Ala Arg Phe Lys Cys Leu Arg Thr Arg Ser Ile Ser Ser Arg Thr
340 345 350

Cys Ser Gly Arg Arg Thr Lys Ala Val Ser Arg Arg Phe Gln Arg Thr
355 360 365

Pro Ser Trp Ser Leu Ser Met Asp Thr Ser Pro Thr Thr Glu Val Lys
370 375 380
Arg Trp Asp Ala His Pro Phe Thr Ala Trp Ser Thr Ser Leu Arg Arg
385 390 395 400
Cys Gly Leu Glu Ile Thr Ser Asn Ser Ala Ile Pro Ser Arg Met Tyr
405 410 415
Leu Phe Thr Ala Ala Thr Leu Thr Ala Arg Val Trp Ile Ala Ile Leu
420 425 430

Leu Leu Ile Ser Ile Cys Thr Thr Thr Glu Arg Lys Glu Gln Pro Leu
435 440 445
Glu Gln Pro Thr Asn His Gly Cys Phe Leu Ala Arg Leu Gly Leu Ser
450 455 460
Leu Cys Leu Cys Arg Pro Glu Ile Gly Tyr Leu Gly Pro Ala Thr Gly
465 470 475 480
Asn Arg Asp Phe Gln Arg Leu Leu Thr Thr Thr Thr Thr Val Thr Phe
485 490 495

Leu Gly Gln Arg Pro Ala Asn Ile Ile Ser Met Ala Ala Thr Arg Trp
500 505 510
Ile Gln Asp Gln Leu Trp Pro Val Thr Arg Thr Met Lys Lys Asn Phe
515 520 525
Ser Leu Cys Thr Ala Ile Arg Gly Pro Tyr Leu Ala Trp Cys Gly Lys
530 535 540
Ile Val Thr Cys Thr Phe Lys Asp Leu Ser Gly Gln Arg Phe Leu Thr
545 550 555 560

Arg Met Asp Thr Phe Ile Leu Leu Leu Trp Glu Ala Leu Asp Asn Ile
565 570 575
Arg Leu Leu Lys Ser Ser Lys Ile Leu Arg Tyr Arg Gln Ile Leu Arg
580 585 590
Arg Leu Ser Ala Arg Pro Ser Leu Leu His Leu Ser Leu Ser Thr Pro

595 600 605

Leu Asp Arg Ser Ala Trp Lys Leu Ser Gly Ser Tyr Arg Lys Lys Thr
610 615 620

Ala Asn Val Gly Ile Gln Arg Phe Ser Thr Leu Pro Thr Thr Thr Ser
625 630 635 640

Leu Leu Met Trp Thr Leu Leu Thr Leu Met Val Phe Ile Val Asn Leu
645 650 655

Ala Leu Leu Glu Pro Gly Ile Ser His Glu Thr Cys
660 665

<210> 840

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 840

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Thr Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Leu Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480
Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 841

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 841

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln

65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Leu Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Val Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asp Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 842

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 842

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Glu Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80
Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 843

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 843

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Gly Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Pro Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Ala Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln

465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr

485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly

500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 844

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 844

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Arg Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile

420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu

435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn

450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln

465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr

485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly

500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 845

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 845

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Gln Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Arg Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn

370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly

385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser

405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile

420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu

435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn

450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln

465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr

485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly

500 505 510

Arg Trp Ser Ala Arg Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685
Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700
Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 846
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 846
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Glu Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 847
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 847
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Ser Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 848
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 848

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Ser
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 849

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 849

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Pro Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Val Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Pro Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560
Val Ala Cys Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 850

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 850

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Ala Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 851
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 851

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Gly Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ala Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 852

<211> 723
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 852
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn

500 505 510

Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe

515 520 525

Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu Gly
530 535 540
Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val
545 550 555 560

Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser Thr
565 570 575
Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro Gly
580 585 590
Ser Val Trp Met Glu Gly Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala
595 600 605
Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly
610 615 620

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr
625 630 635 640
Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser
645 650 655
Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp
660 665 670
Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr
675 680 685

Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser
690 695 700
Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
705 710 715 720
Arg Pro Leu

<210> 853
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 853

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Val Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Glu Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 854

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 854

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Ser Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Ala Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 855

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 855

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Pro Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Thr Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Pro Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 856

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 856

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Leu Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Lys Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 857
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 857
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Pro Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 858
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 858

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr His Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Ser Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Arg Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 859

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 859

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Ser Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Thr Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Arg Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 860

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 860

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Ala Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Gly Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Thr Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 861
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 861
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Val Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Gly Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Gly Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Leu Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 862

<211> 723

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 862

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Ala

595 600 605

Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly

610 615 620

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr

625 630 635 640

Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser

645 650 655

Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp

660 665 670

Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

675 680 685

Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser

690 695 700

Thr Gly Glu Cys Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 863

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223

> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 863

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Leu Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Gly
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445
Phe Asn Glu Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Ala Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 864

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 864

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Ile Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 865
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 865
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Leu Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 866
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 866
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Ala
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Gly
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Gly Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 867
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 867
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160
Lys Pro Pro Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Ala

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 868

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 868

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Pro Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Ala Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 869

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 869

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Pro Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 870

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 870

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Pro Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Pro Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 871

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 871

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Ala Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 872

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 872

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Ala Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Ala
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Val His Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 873

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 873

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Gly Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Ala Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Gly Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 874

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 874

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Val His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 875
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (551)..(551)
<223> Any naturally occurring amino acid
<400> 875
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Ser Met Leu Ile Thr Xaa Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 876
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 876

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 877

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 877

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln

65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro

130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys

145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser

180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly

195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu

245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480
Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 878

<211> 723

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 878

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp
195 200 205

Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met
210 215 220

Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser
225 230 235 240
Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp Gly
245 250 255

Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe
260 265 270
Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg
275 280 285
Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val Lys
290 295 300
Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr Thr
305 310 315 320

Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp
325 330 335
Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu
340 345 350
Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala
355 360 365
Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe
370 375 380

Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn
385 390 395 400
Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Phe
405 410 415
Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln
420 425 430
Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln Phe
435 440 445

Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe
450 455 460
Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly Val

465 470 475 480

Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu Leu

485 490 495

Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn

500 505 510

Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe

515 520 525

Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu Gly

530 535 540

Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val

545 550 555 560

Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser Thr

565 570 575

Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro Gly

580 585 590

Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala

595 600 605

Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly

610 615 620

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr

625 630 635 640

Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser

645 650 655

Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp

660 665 670

Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

675 680 685

Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser

690 695 700

Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 879

<211> 534

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 879

Met Ala Glu Gly Gly Gly Gly Ala Met Gly Asp Ser Ser Gly Gly Ala
1 5 10 15

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp
20 25 30

Met Gly Asn Thr Val Ile Thr Lys Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
35 40 45

Ser Tyr Asn Asn His Ile Tyr Lys Ala Ile Thr Ser Gly Thr Ser Gln
50 55 60

Asp Ala Asn Val Gln Tyr Ala Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe
65 70 75 80

Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg
85 90 95

Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ser Leu Lys Phe Lys
100 105 110

Ile Phe Asn Val Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Gln Asp Gln Thr Lys
115 120 125

Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Asp
130 135 140

Glu His Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Met
145 150 155 160

Pro Pro Phe Pro Ser Asp Val Tyr Ala Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys
165 170 175

Thr Met His Thr Asn Gln Asn Gly Ala Arg Phe Asn Asp Arg Ser Ala
180 185 190
Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
195 200 205
Asn Phe Glu Phe Thr Phe Asp Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Met

210 215 220
Phe Ala His Ser Gln Asp Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp
225 230 235 240
Gln Tyr Leu Trp Asn Phe Asn Glu Val Asp Ser Ser Arg Asn Ala Gln
245 250 255
Phe Lys Lys Ala Val Lys Gly Ala Tyr Gly Thr Met Gly Arg Asn Trp
260 265 270
Leu Pro Gly Pro Lys Phe Leu Asp Gln Arg Val Arg Ala Tyr Thr Gly

275 280 285
Gly Thr Asp Asn Tyr Ala Asn Trp Asn Ile Trp Ser Asn Gly Asn Lys
290 295 300
Val Asn Leu Lys Asp Arg Gln Tyr Leu Leu Gln Pro Gly Pro Val Ser
305 310 315 320
Ala Thr Tyr Thr Glu Gly Glu Ala Ser Ser Leu Pro Ala Gln Asn Ile
325 330 335
Leu Gly Ile Ala Lys Asp Pro Tyr Arg Ser Gly Ser Thr Thr Ala Gly

340 345 350
Ile Ser Asp Ile Met Val Thr Glu Glu Gln Glu Val Ala Pro Thr Asn
355 360 365
Gly Val Gly Trp Lys Pro Tyr Gly Arg Thr Val Thr Asn Glu Gln Asn
370 375 380
Thr Thr Thr Ala Pro Thr Ser Ser Asp Leu Asp Val Leu Gly Ala Leu
385 390 395 400
Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Pro Ile

405 410 415
Gly Ala Lys Ile Pro Lys Thr Asp Gly Lys Phe His Pro Ser Pro Asn

420 425 430

Leu Gly Gly Phe Gly Leu His Asn Pro Pro Pro Gln Val Phe Ile Lys

435 440 445

Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Glu Tyr Val His Gln Lys

450 455 460

Trp Asn Ser Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val Glu

465 470 475 480

Met Val Trp Glu Leu Arg Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu

485 490 495

Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Ser Asn Arg Thr Ser Ile Met Phe Ala

500 505 510

Pro Asn Glu Thr Gly Gly Tyr Val Glu Asp Arg Leu Ile Gly Thr Arg

515 520 525

Tyr Leu Thr Gln Asn Leu

530

<210> 880

<211> 554

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 880

Met Thr Ser Val Asn Ser Ala Glu Ala Ser Thr Gly Ala Gly Gly Gly

1 5 10 15

Gly Ser Asn Pro Val Lys Ser Met Trp Ser Glu Gly Ala Thr Phe Ser

20 25 30

Ala Asn Ser Val Thr Cys Thr Phe Ser Arg Gln Phe Leu Ile Pro Tyr

35 40 45

Asp Pro Glu His His Tyr Lys Val Phe Ser Pro Ala Ala Ser Ser Cys

50 55 60

His Asn Ala Ser Gly Lys Glu Ala Lys Val Cys Thr Ile Ser Pro Ile

65 70 75 80

Met Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Arg Tyr Leu Asp Phe Asn Ala Leu Asn

85 90 95

Leu Phe Phe Ser Pro Leu Glu Phe Gln His Leu Ile Glu Asn Tyr Gly

100 105 110

Ser Ile Ala Pro Asp Ala Leu Thr Val Thr Ile Ser Glu Ile Ala Val

115 120 125

Lys Asp Val Thr Asp Lys Thr Gly Gly Gly Val Gln Val Thr Asp Ser

130 135 140

Thr Thr Gly Arg Leu Cys Met Leu Val Asp His Glu Tyr Lys Tyr Pro

145 150 155 160

Tyr Val Leu Gly Gln Gly Gln Asp Thr Leu Ala Pro Glu Leu Pro Ile

165 170 175

Trp Val Tyr Phe Pro Pro Gln Tyr Ala Tyr Leu Thr Val Gly Asp Val

180 185 190

Asn Thr Gln Gly Ile Ser Gly Asp Ser Lys Lys Leu Ala Ser Glu Glu

195 200 205

Ser Ala Phe Tyr Val Leu Glu His Ser Ser Phe Gln Leu Leu Gly Thr

210 215 220

Gly Gly Thr Ala Thr Met Ser Tyr Lys Phe Pro Pro Val Pro Pro Glu

225 230 235 240

Asn Leu Glu Gly Cys Ser Gln His Phe Tyr Glu Met Tyr Asn Pro Leu

245 250 255

Tyr Gly Ser Arg Leu Gly Val Pro Asp Thr Leu Gly Gly Asp Pro Lys

260 265 270

Phe Arg Ser Leu Thr His Glu Asp His Ala Ile Gln Pro Gln Asn Phe

275 280 285

Met Pro Gly Pro Leu Val Asn Ser Val Ser Thr Lys Glu Gly Asp Ser

290 295 300

Phe Asn Thr Gly Ala Gly Lys Ala Leu Thr Gly Leu Ser Thr Gly Thr

305 310 315 320

Ser Gln Asn Thr Arg Ile Ser Leu Arg Pro Gly Pro Val Ser Gln Pro
325 330 335
Tyr His His Trp Asp Thr Asp Lys Tyr Val Thr Gly Ile Asn Ala Ile
340 345 350
Ser His Gly Gln Thr Thr Tyr Gly Asn Ala Glu Asp Lys Glu Tyr Gln
355 360 365

Gln Gly Val Gly Arg Phe Pro Asn Glu Lys Glu Gln Leu Lys Gln Leu
370 375 380
Gln Gly Leu Asn Met His Thr Tyr Phe Pro Asn Lys Gly Thr Gln Gln
385 390 395 400
Tyr Thr Asp Gln Ile Glu Arg Pro Leu Met Val Gly Ser Val Trp Asn
405 410 415
Arg Arg Ala Leu His Tyr Glu Ser Gln Leu Trp Ser Lys Ile Pro Asn
420 425 430

Leu Asp Asp Ser Phe Lys Thr Gln Phe Ala Ala Leu Gly Gly Trp Gly
435 440 445
Leu His Gln Pro Pro Pro Gln Ile Phe Leu Lys Ile Leu Pro Gln Ser
450 455 460
Gly Pro Ile Gly Gly Ile Lys Ser Met Gly Ile Thr Thr Leu Val Gln
465 470 475 480
Tyr Ala Val Gly Ile Met Thr Val Thr Met Thr Phe Lys Leu Gly Pro
485 490 495

Arg Lys Ala Thr Gly Arg Trp Asn Pro Gln Pro Gly Val Tyr Pro Pro
500 505 510
His Ala Ala Gly His Leu Pro Tyr Val Leu Tyr Asp Pro Thr Ala Thr
515 520 525
Asp Ala Lys Gln His His Arg His Gly Tyr Glu Lys Pro Glu Glu Leu
530 535 540
Trp Thr Ala Lys Ser Arg Val His Pro Leu
545 550
<210> 881
<211> 587

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 881

Met Ser Asp Gly Thr Ser Gln Pro Asp Gly Gly Asn Ala Val His Ser
1 5 10 15

Ala Ala Arg Val Glu Arg Ala Ala Asp Gly Pro Gly Gly Ser Gly Gly
20 25 30

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Val Gly Val Ser Thr Gly Ser Tyr Asp
35 40 45

Asn Gln Thr His Tyr Arg Phe Leu Gly Asp Gly Trp Val Glu Ile Thr
50 55 60

Ala Leu Ala Thr Arg Leu Val His Leu Asn Met Pro Lys Ser Glu Asn
65 70 75 80

Tyr Cys Arg Ile Arg Val His Asn Thr Thr Asp Thr Ser Val Lys Gly
85 90 95

Asn Met Ala Lys Asp Asp Ala His Glu Gln Ile Trp Thr Pro Trp Ser
100 105 110

Leu Val Asp Ala Asn Ala Trp Gly Val Trp Leu Gln Pro Ser Asp Trp
115 120 125

Gln Tyr Ile Cys Asn Thr Met Ser Gln Leu Asn Leu Val Ser Leu Asp
130 135 140

Gln Glu Ile Phe Asn Val Val Leu Lys Thr Val Thr Glu Gln Asp Ser
145 150 155 160

Gly Gly Gln Ala Ile Lys Ile Tyr Asn Asn Asp Leu Thr Ala Cys Met
165 170 175

Met Val Ala Val Asp Ser Asn Asn Ile Leu Pro Tyr Thr Pro Ala Ala
180 185 190

Asn Ser Met Glu Thr Leu Gly Phe Tyr Pro Trp Lys Pro Thr Ile Ala

195 200 205

Ser Pro Tyr Arg Tyr Tyr Phe Cys Val Asp Arg Asp Leu Ser Val Thr

210 215 220

Tyr Glu Asn Gln Glu Gly Thr Ile Glu His Asn Val Met Gly Thr Pro

225 230 235 240

Lys Gly Met Asn Ser Gln Phe Phe Thr Ile Glu Asn Thr Gln Gln Ile

245 250 255

Thr Leu Leu Arg Thr Gly Asp Glu Phe Ala Thr Gly Thr Tyr Tyr Phe

260 265 270

Asp Thr Asn Pro Val Lys Leu Thr His Thr Trp Gln Thr Asn Arg Gln

275 280 285

Leu Gly Gln Pro Pro Leu Leu Ser Thr Phe Pro Glu Ala Asp Thr Asp

290 295 300

Ala Gly Thr Leu Thr Ala Gln Gly Ser Arg His Gly Ala Thr Gln Met

305 310 315 320

Glu Val Asn Trp Val Ser Glu Ala Ile Arg Thr Arg Pro Ala Gln Val

325 330 335

Gly Phe Cys Gln Pro His Asn Asp Phe Glu Ala Ser Arg Ala Gly Pro

340 345 350

Phe Ala Ala Pro Lys Val Pro Ala Asp Val Thr Gln Gly Met Asp Arg

355 360 365

Glu Ala Asn Gly Ser Val Arg Tyr Ser Tyr Gly Lys Gln His Gly Glu

370 375 380

Asn Trp Ala Ala His Gly Pro Ala Pro Glu Arg Tyr Thr Trp Asp Glu

385 390 395 400

Thr Asn Phe Gly Ser Gly Arg Asp Thr Arg Asp Gly Phe Ile Gln Ser

405 410 415

Ala Pro Leu Val Val Pro Pro Pro Leu Asn Gly Ile Leu Thr Asn Ala

420 425 430

Asn Pro Ile Gly Thr Lys Asn Asp Ile His Phe Ser Asn Val Phe Asn

435 440 445

Ser Tyr Gly Pro Leu Thr Thr Phe Ser His Pro Ser Pro Val Tyr Pro
450 455 460
Gln Gly Gln Ile Trp Asp Lys Glu Leu Asp Leu Glu His Lys Pro Arg
465 470 475 480
Leu His Ile Thr Ala Pro Phe Val Cys Lys Asn Asn Ala Pro Gly Gln
485 490 495

Met Leu Val Arg Leu Gly Pro Asn Leu Thr Asp Gln Tyr Asp Pro Asn
500 505 510
Gly Ala Thr Leu Ser Arg Ile Val Thr Tyr Gly Thr Phe Phe Trp Lys
515 520 525
Gly Lys Leu Thr Met Arg Ala Lys Leu Arg Ala Asn Thr Thr Trp Asn
530 535 540
Pro Val Tyr Gln Val Ser Val Glu Asp Asn Gly Asn Ser Tyr Met Ser
545 550 555 560

Val Thr Lys Trp Leu Pro Thr Ala Thr Gly Asn Met Gln Ser Val Pro
565 570 575
Leu Ile Thr Arg Pro Val Ala Arg Asn Thr Tyr
580 585

<210> 882
<211> 584
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 882
Met Ser Asp Gly Ala Val Gln Pro Asp Gly Gly Gln Pro Ala Val Arg
1 5 10 15

Asn Glu Arg Ala Thr Gly Ser Gly Asn Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly
20 25 30
Gly Gly Ser Gly Gly Val Gly Ile Ser Thr Gly Thr Phe Asn Asn Gln
35 40 45

```
Thr Glu Phe Lys Phe Leu Glu Asn Gly Trp Val Glu Ile Thr Ala Asn
    50                  55                  60
Ser Ser Arg Leu Val His Leu Asn Met Pro Glu Ser Glu Asn Tyr Lys
65                  70                  75                  80

Arg Val Val Val Asn Asn Met Asp Lys Thr Ala Val Lys Gly Asn Met
                85                  90                  95
Ala Leu Asp Asp Ile His Val Glu Ile Val Thr Pro Trp Ser Leu Val
            100                 105                 110
Asp Ala Asn Ala Trp Gly Val Trp Phe Asn Pro Gly Asp Trp Gln Leu
        115                 120                 125
Ile Val Asn Thr Met Ser Glu Leu His Leu Val Ser Phe Glu Gln Glu
    130                 135                 140

Ile Phe Asn Val Val Leu Lys Thr Val Ser Glu Ser Ala Thr Gln Pro
145                 150                 155                 160
Pro Thr Lys Val Tyr Asn Asn Asp Leu Thr Ala Ser Leu Met Val Ala
                165                 170                 175
Leu Asp Ser Asn Asn Thr Met Pro Phe Thr Pro Ala Ala Met Arg Ser
            180                 185                 190
Glu Thr Leu Gly Phe Tyr Pro Trp Lys Pro Thr Ile Pro Thr Pro Trp
        195                 200                 205

Arg Tyr Tyr Phe Gln Trp Asp Arg Thr Leu Ile Pro Ser His Thr Gly
    210                 215                 220
Thr Ser Gly Thr Pro Thr Asn Val Tyr His Gly Thr Asp Pro Asp Asp
225                 230                 235                 240
Val Gln Phe Tyr Thr Ile Glu Asn Ser Val Pro Val His Leu Leu Arg
                245                 250                 255
Thr Gly Asp Glu Phe Ala Thr Gly Thr Phe Phe Phe Asp Cys Lys Pro
            260                 265                 270

Cys Arg Leu Thr His Thr Trp Gln Thr Asn Arg Ala Leu Gly Leu Pro
        275                 280                 285
Pro Phe Leu Asn Ser Leu Pro Gln Ser Glu Gly Ala Thr Asn Phe Gly
```

290 295 300

Asp Ile Gly Val Gln Gln Asp Lys Arg Arg Gly Val Thr Gln Met Gly

305 310 315 320

Asn Thr Asp Tyr Ile Thr Glu Ala Thr Ile Met Arg Pro Ala Glu Val

325 330 335

Gly Tyr Ser Ala Pro Tyr Tyr Ser Phe Glu Ala Ser Thr Gln Gly Pro

340 345 350

Phe Lys Thr Pro Ile Ala Ala Gly Arg Gly Gly Ala Gln Thr Asp Glu

355 360 365

Asn Gln Ala Ala Asp Gly Asp Pro Arg Tyr Ala Phe Gly Arg Gln His

370 375 380

Gly Gln Lys Thr Thr Thr Thr Gly Glu Thr Pro Glu Arg Phe Thr Tyr

385 390 395 400

Ile Ala His Gln Asp Thr Gly Arg Tyr Pro Glu Gly Asp Trp Ile Gln

405 410 415

Asn Ile Asn Phe Asn Leu Pro Val Thr Asn Asp Asn Val Leu Leu Pro

420 425 430

Thr Asp Pro Ile Gly Gly Lys Thr Gly Ile Asn Tyr Thr Asn Ile Phe

435 440 445

Asn Thr Tyr Gly Pro Leu Thr Ala Leu Asn Asn Val Pro Pro Val Tyr

450 455 460

Pro Asn Gly Gln Ile Trp Asp Lys Glu Phe Asp Thr Asp Leu Lys Pro

465 470 475 480

Arg Leu His Ile Asn Ala Pro Phe Val Cys Gln Asn Asn Cys Pro Gly

485 490 495

Gln Leu Phe Val Lys Val Ala Pro Asn Leu Thr Asn Gln Tyr Asp Pro

500 505 510

Asp Ala Ser Ala Asn Met Ser Arg Ile Val Thr Tyr Ser Asp Phe Trp

515 520 525

Trp Lys Gly Lys Leu Val Phe Lys Ala Lys Leu Arg Ala Ser His Thr

530 535 540

Trp Asn Pro Ile Gln Gln Met Ser Ile Asn Val Asp Asn Gln Phe Asn
545 550 555 560
Tyr Val Pro Asn Asn Ile Gly Ala Met Lys Ile Val Tyr Glu Lys Ser
565 570 575
Gln Leu Ala Pro Arg Lys Leu Tyr
580

<210> 883
<211> 548
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 883
Gly Val Gly Ile Ser Thr Gly Thr Phe Asn Asn Gln Thr Glu Phe Lys
1 5 10 15
Phe Leu Glu Asn Gly Trp Val Glu Ile Thr Ala Asn Ser Ser Arg Leu
20 25 30
Val His Leu Asn Met Pro Glu Ser Glu Asn Tyr Arg Arg Val Val Val
35 40 45

Asn Asn Met Asp Lys Thr Ala Val Asn Gly Asn Met Ala Leu Asp Asp
50 55 60
Ile His Ala Gln Ile Val Thr Pro Trp Ser Leu Val Asp Ala Asn Ala
65 70 75 80
Trp Gly Val Trp Phe Asn Pro Gly Asp Trp Gln Leu Ile Val Asn Thr
85 90 95
Met Ser Glu Leu His Leu Val Ser Phe Glu Gln Glu Ile Phe Asn Val
100 105 110

Val Leu Lys Thr Val Ser Glu Ser Ala Thr Gln Pro Pro Thr Lys Val
115 120 125
Tyr Asn Asn Asp Leu Thr Ala Ser Leu Met Val Ala Leu Asp Ser Asn
130 135 140

Asn Thr Met Pro Phe Thr Pro Ala Ala Met Arg Ser Glu Thr Leu Gly
145 150 155 160
Phe Tyr Pro Trp Lys Pro Thr Ile Pro Thr Pro Trp Arg Tyr Tyr Phe
165 170 175

Gln Trp Asp Arg Thr Leu Ile Pro Ser His Thr Gly Thr Ser Gly Thr
180 185 190
Pro Thr Asn Ile Tyr His Gly Thr Asp Pro Asp Asp Val Gln Phe Tyr
195 200 205
Thr Ile Glu Asn Ser Val Pro Val His Leu Leu Arg Thr Gly Asp Glu
210 215 220
Phe Ala Thr Gly Thr Phe Phe Phe Asp Cys Lys Pro Cys Arg Leu Thr
225 230 235 240

His Thr Trp Gln Thr Asn Arg Ala Leu Gly Leu Pro Pro Phe Leu Asn
245 250 255
Ser Leu Pro Gln Ser Glu Gly Ala Thr Asn Phe Gly Asp Ile Gly Val
260 265 270
Gln Gln Asp Lys Arg Arg Gly Val Thr Gln Met Gly Asn Thr Asn Tyr
275 280 285
Ile Thr Glu Ala Thr Ile Met Arg Pro Ala Glu Val Gly Tyr Ser Ala
290 295 300

Pro Tyr Tyr Ser Phe Glu Ala Ser Thr Gln Gly Pro Phe Lys Thr Pro
305 310 315 320
Ile Ala Ala Gly Arg Gly Gly Ala Gln Thr Asp Glu Asn Gln Ala Ala
325 330 335
Asp Gly Asn Pro Arg Tyr Ala Phe Gly Arg Gln His Gly Gln Lys Thr
340 345 350
Thr Thr Thr Gly Glu Thr Pro Glu Arg Phe Thr Tyr Ile Ala His Gln
355 360 365

Asp Thr Gly Arg Tyr Pro Glu Gly Asp Trp Ile Gln Asn Ile Asn Phe
370 375 380
Asn Leu Pro Val Thr Asn Asp Asn Val Leu Leu Pro Thr Asp Pro Ile

385 390 395 400

Gly Gly Lys Thr Gly Ile Asn Tyr Thr Asn Ile Phe Asn Thr Tyr Gly

405 410 415

Pro Leu Thr Ala Leu Asn Asn Val Pro Pro Val Tyr Pro Asn Gly Gln

420 425 430

Ile Trp Asp Lys Glu Phe Asp Thr Asp Leu Lys Pro Arg Leu His Val

435 440 445

Asn Ala Pro Phe Val Cys Gln Asn Asn Cys Pro Gly Gln Leu Phe Val

450 455 460

Lys Val Ala Pro Asn Leu Thr Asn Glu Tyr Asp Pro Asp Ala Ser Ala

465 470 475 480

Asn Met Ser Arg Ile Val Thr Tyr Ser Asp Phe Trp Trp Lys Gly Lys

485 490 495

Leu Val Phe Lys Ala Lys Leu Arg Ala Ser His Thr Trp Asn Pro Ile

500 505 510

Gln Gln Met Ser Ile Asn Val Asp Asn Gln Phe Asn Tyr Val Pro Ser

515 520 525

Asn Ile Gly Gly Met Lys Ile Val Tyr Glu Lys Ser Gln Leu Ala Pro

530 535 540

Arg Lys Leu Tyr

545

<210> 884

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 884

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 885

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 885

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 886

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 886

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr
145 150 155 160

Gly Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala

580 585 590

Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 887
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 887
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Val Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asp Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asn Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 888
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 888
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro
580 585 590
Ala Thr Glu Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly
705 710 715 720
Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 889
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 889
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Val Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asp Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asn Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 890

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 890

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Val Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asp Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 891

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 891

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asp Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asn Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 892

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 892

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Val Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 893

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 893

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

```
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Val Gln
305                 310                 315                 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
                325                 330                 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
            340                 345                 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
        355                 360                 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
    370                 375                 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385                 390                 395                 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
                405                 410                 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
            420                 425                 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
        435                 440                 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
    450                 455                 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Lys Asn Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
    530                 535                 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
```

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 894

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 894

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgcgc agtcttccag 360

gccaaaaagc gggttctcga acctctgggc ctggttgaat cgccggttaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgctctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgcaaaaaag agactcaatt ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagaggc tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaagtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtgct cggctcggcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaatggcag tcaggctgtg ggccggtcgt ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgctgag aacgggcaac aactttgaat tcagctacaa cttcgaggac 1260

gtgcccttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg accggctgat gaaccctctc 1320

atcgaccagt acttgtacta cctgtcccgg actcaaagca cgggcggtac tgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aacaacatgt cggctcaggc caagaactgg 1440

ctacccggtc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca gaacaacaac 1500

agcaactttg cctggacggg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggtg 1560

aatcctggcg ttgccatggc tacccacaag gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttaa tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aataaagacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaatagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtgtggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcatac ggacggcaac tttcatccct cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg attaaaaaca cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaatcaggc caagctggct tctttcatca cgcagtacag taccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160

ggtacttatt ccgagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 895

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 895

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

```
Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145                 150                 155                 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
                165                 170                 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
            180                 185                 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
        195                 200                 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
    210                 215                 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225                 230                 235                 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
                245                 250                 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
            260                 265                 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
        275                 280                 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
    290                 295                 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305                 310                 315                 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
                325                 330                 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
            340                 345                 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
        355                 360                 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
```

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 896
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 896
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 897
<211> 4472
<212
> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 897

ctccatcact aggggtaacc gcgaagcgcc tcccacgctg ccgcgtcagc gctgacgtaa 60

attacgtcat aggggagtgg tcctgtatta gctgtcacgt gagtgctttt gcgacatttt 120

gcgacaccac gtggccattc atggtatata tggccgagtg agcgagcagg atctccattt 180

tgaccgcgaa atttgaacga gcagcagcca tgccgggctt ctacgagatc gtgcttaagg 240

tgccgagcga cctggacgag cacctgccgg gcatttctga ctcgtttgtg aactgggtgg 300

cagagaagga atgggagctg cccccggatt ctgacatgga tcggaatctg attgagcagg 360

cacccctgac cgtggccgag aagctacagc gcgacttcct ggtccaatgg cgccgcgtga 420

gtaaggcccc ggaggccctc ttctttgttc agttcgagaa gggcgagtcc tacttccacc 480

tccatattct ggtagagacc acgggggtca aatccatggt gctgggccgc ttcctgagtc 540

agattcggga caagctggtg cagaccatct accgcgggat cgagccgacc ctgcccaact 600

ggttcgcggt gacaaagacg cgtaatggcg ccggaggggg gaacaaggtg gtggacgagt 660

gctacatccc caactacctg ctgcccaaga ctcagcccga gctgcagtgg gcgtggacta 720

acatggagga gtatataagc gcgtgcttga acctggccga gcgcaaacgg ctcgtggcgc 780

agcacctgac ccacgtcagc cagacccagg agcagaacaa ggagaatctg aacccgaatt 840

ctgacgcgcc tgtcatccgg tcaaaaacct ccgcgcgcta catggagctg gtcgggtggc 900

tggtggaccg gggcatcacc tccgagaagc agtggatcca ggaggaccag gcctcgtaca 960

tctccttcaa cgccgcctcc aactcgcggt ctcagatcaa ggccgcgctg gacaatgccg 1020

gcaagatcat ggcgctgacc aaatccgcgc ccgactacct ggtaggcccc gctctgcccg 1080

cggacattaa atccaaccgc atctaccgca tcctggagct gaatggctac gaccctgcct 1140

acgccggttc cgtctttctc ggctgggccc agaaaaagtt tggcaaaagg aacaccatct 1200

ggctgtttgg gccggccacc acgggcaaga ccaacatcgc ggaagccatc gcccacgccg 1260

tgcccttcta cggctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 1320

acaagatggt gatctggtgg gaggagggca agatgacggc caaggtcgtg gagtccgcca 1380

aggccattct cggcggcagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtcg tccgcccaga 1440

tcgatcccac ccccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga 1500

acagcaccac cttcgagcac cagcagccgt tgcaggaccg gatgttcaaa tttgaactta 1560

cccgccgtct ggagcacgac tttggcaagg tgacaaagca ggaagtcaaa gagttcttcc 1620

gctgggcgca ggatcacgtg accgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggtggag 1680

ctaacaaaag acccgccccc gatgacgcgg atataagcga gcccaagcgg gcctgccct 1740

cagtcgcgga tccatcgacg tcagacgcgg aaggagctcc ggtggacttt gccgacaggt 1800

accaaaacaa atgttctcgt cacgcgggca tgcttcagat gctgtttccc tgcaaaacat 1860

gcgagagaat gaatcagaat ttcaacattt gcttcacgca cgggaccaga gactgttcag 1920

aatgtttccc tggcgtgtca gaatctcaac cggtcgtcag aaaaaagacg tatcggaaac 1980

tctgtgcgat tcatcatctg ctggggcggg cacccgagat tgcttgctcg gcctgcgacc 2040

tggtcaacgt ggacctggat gactgtgttt ctgagcaata aatgacttaa accaggtatg 2100

gctgccgatg gttatcttcc agattggctc gaggacaacc tctctgaggg cattcgcgag 2160

tggtgggacc tgaaacctgg agccccgaaa cccaaagcca accagcaaaa gcaggacaac 2220

ggccggggtc tggtgcttcc tggctacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag 2280

ggggagcccg tcaacgcggc ggacgcagcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 2340

cagctccaag cgggtgacaa tccgtacctg cggtataatc acgccgacgc cgagtttcag 2400

gagcgtctgc aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg ggcgcgcagt cttccaggcc 2460

aaaaagcggg ttctcgaacc tctgggcctg gttgaatcgc cggttaagac ggctcctgga 2520

aagaagagac cggtagagcc atcaccccag cgctctccag actcctctac gggcatcggc 2580

aagaaaggcc agcagcccgc aaaaaagaga ctcaattttg ggcagactgg cgactcagag 2640

tcagtccccg accctcaacc aatcggagaa ccaccagcag gcccctctgg tctgggatct 2700

ggtacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 2760

gtgggtagtt cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 2820

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 2880

tccaacggga cctcgggagg aagcaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 2940

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 3000

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaggctca acttcaagct cttcaacatc 3060

caagtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa ccttaccagc 3120

acgattcagg tctttacgga ctcggaatac cagctcccgt acgtgctcgg ctcggcgcac 3180

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cgggtacctg 3240

actctgaaca atggcagtca ggctgtgggc cggtcgtcct tctactgcct ggagtacttt 3300

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac tttgaattca gctacaactt cgaggacgtg 3360

cccttccaca gcagctacgc gcacagccag agcctggacc ggctgatgaa ccctctcatc 3420

gaccagtact tgtactacct gtcccggact caaagcacgg gcggtactgc aggaactcag 3480

cagttgctat tttctcaggc cgggcctaac aacatgtcgg ctcaggccaa gaactggcta 3540

cccggtccct gctaccggca gcaacgcgtc tccacgacac tgtcgcagaa caacaacagc 3600

aactttgcct ggacgggtgc caccaagtat catctgaatg gcagagactc tctggtgaat 3660

cctggcgttg ccatggctac ccacaaggac gacgaagagc gatttttcc atccagcgga 3720
gtcttaatgt ttgggaaaca gggagctgga aaagacaacg tggactatag cagcgtgatg 3780
ctaaccagcg aggaagaaat aaagaccacc aacccagtgg ccacagaaca gtacggcgtg 3840
gtggccgata acctgcaaca gcaaaacgcc gctcctattg taggggccgt caatagtcaa 3900
ggagccttac ctggcatggt gtggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 3960
gccaagattc ctcatacgga cggcaacttt catccctcgc cgctgatggg aggctttgga 4020
ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatt aaaaacacac ctgttcccgc ggatcctccg 4080

accaccttca atcaggccaa gctggcttct ttcatcacgc agtacagtac cggccaggtc 4140
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca aacgctggaa cccagagatt 4200
cagtacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa tactgagggt 4260
acttattccg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaattacat 4320
gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctcctgt ccttcttatc 4380
ttatcggtta ccatagaaac tggttactta ttaactgctt ggtgcgcttc gcgataaaag 4440
acttacgtca tcgggttacc cctagtgatg ga 4472

<210> 898
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 898
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 899
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 899

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Arg Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Arg Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Arg Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Arg Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Arg Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Arg Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Arg Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 900

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 900

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Arg Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Arg Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Arg Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Arg Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Arg Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Arg Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Arg Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 901

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 901

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Arg Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Arg Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Arg Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Arg Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Arg Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Arg Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

```
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
    370                 375                 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385                 390                 395                 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
                405                 410                 415
Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
            420                 425                 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
        435                 440                 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
    450                 455                 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465                 470                 475                 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
                485                 490                 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
            500                 505                 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
        515                 520                 525

His Arg Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
    530                 535                 540
Phe Gly Arg Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545                 550                 555                 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
                565                 570                 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
            580                 585                 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
        595                 600                 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
```

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 902
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 902

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Arg Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Arg Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Arg Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Arg Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Arg Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Arg Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415
Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Arg Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Arg Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 903

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 903

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Arg Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Arg Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Arg Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Arg Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Arg Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Arg Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Arg Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Arg Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 904

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 904

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgcgc agtcttccag 360

gccaaaaagc gggttctcga acctctgggc ctggttgaat cgccggttaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgctctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgcaaaaaag agactcaatt ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag cagcccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagaggc tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaagtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtgct cggctcggcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaatggcag tcaggctgtg ggccggtcgt ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgctgag aacgggcaac aactttgaat tcagctacaa cttcgaggac 1260

gtgcccttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg accggctgat gaaccctctc 1320

atcgaccagt acttgtacta cctgtcccgg actcaaagca cgggcggtac tgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aacaacatgt cggctcaggc caagaactgg 1440

ctacccggtc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca gaacaacaac 1500

agcaactttg cctggacggg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggtg 1560

aatcctggcg ttgccatggc tacccacaag gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttaa tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aataaagacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaatagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtgtggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcatac ggacggcaac tttcatccct cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg attaaaaaca cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaatcaggc caagctggct tctttcatca cgcagtacag taccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160

ggtacttatt ccgagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 905

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 905

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaggcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacag ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgcgc agtcttccag 360

gccaaaaagc gggttctcga acctctgggc ctggttgaat cgccggttag gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgctctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgcaagaaag agactcaatt ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag cagccccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaggcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagaggc tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaagtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccagga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtgct cggctcggcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaatggcag tcaggctgtg ggccggtcgt ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgctgag aacgggcaac aactttgaat tcagctacaa cttcgaggac 1260

gtgcccttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg accggctgat gaaccctctc 1320

atcgaccagt acttgtacta cctgtcccgg actcaaagca cgggcggtac tgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aacaacatgt cggctcaggc caagaactgg 1440

ctacccggtc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca gaacaacaac 1500

agcaactttg cctggacggg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggtg 1560

aatcctggcg ttgccatggc tacccacagg gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttaa tgtttgggag acagggagct ggaagagaca acgtggacta tagcagcgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aataaggacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaatagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtgtggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcatac ggacggcaac tttcatccct cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg attaaaaaca cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaatcaggc caagctggct tctttcatca cgcagtacag taccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160

ggtacttatt ccgagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 906

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 906

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaggcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacag ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgcgc agtcttccag 360

gccaaaaagc gggttctcga acctctgggc ctggttgaat cgccggttag gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgctctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagagag gccagcagcc cgcaagaaag agactcaatt ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag cagccccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaggcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagaggc tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaagtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccagga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtgct cggctcggcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaatggcag tcaggctgtg ggccggtcgt ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgctgag aacgggcaac aactttgaat tcagctacaa cttcgaggac 1260

gtgcccttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg accggctgat gaaccctctc 1320

atcgaccagt acttgtacta cctgtcccgg actcaaagca cgggcggtac tgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aacaacatgt cggctcaggc caagaactgg 1440

ctacccggtc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca gaacaacaac 1500

agcaactttg cctggacggg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggtg 1560

aatcctggcg ttgccatggc tacccacagg gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttaa tgtttgggaa acagggagct ggaagagaca acgtggacta tagcagcgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aataaggacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaatagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtgtggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcatac ggacggcaac tttcatccct cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg attaaaaaca cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaatcaggc caagctggct tctttcatca cgcagtacag taccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160

ggtacttatt ccgagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 907

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 907

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaggcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacag ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgcgc agtcttccag 360

gccaaaaagc gggttctcga acctctgggc ctggttgaat cgccggttag gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgctctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagagag gccagcagcc cgcaaaaaag agactcaatt ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag cagcccccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaggcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagaggc tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaagtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccagga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtgct cggctcggcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaatggcag tcaggctgtg ggccggtcgt ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgctgag aacgggcaac aactttgaat tcagctacaa cttcgaggac 1260

gtgcccttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg accggctgat gaaccctctc 1320

atcgaccagt acttgtacta cctgtcccgg actcaaagca cgggcggtac tgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aacaacatgt cggctcaggc caagaactgg 1440

ctacccggtc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca gaacaacaac 1500

agcaactttg cctggacggg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggtg 1560

aatcctggcg ttgccatggc tacccacagg gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttaa tgtttgggag acagggagct ggaagagaca acgtggacta tagcagcgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aataaggacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaatagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtgtggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcatac ggacggcaac tttcatccct cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg attaaaaaca cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaatcaggc caagctggct tctttcatca cgcagtacag taccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160

ggtacttatt ccgagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 908

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 908

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaggcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacag ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgcgc agtcttccag 360

gccaaaaagc gggttctcga acctctgggc ctggttgaat cgccggttag gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgctctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagagag gccagcagcc cgcaaaaaag agactcaatt ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag cagccccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaggcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagaggc tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaagtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccagga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtgct cggctcggcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaatggcag tcaggctgtg ggccggtcgt ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgctgag aacgggcaac aactttgaat tcagctacaa cttcgaggac 1260

gtgcccttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg accggctgat gaaccctctc 1320

atcgaccagt acttgtacta cctgtcccgg actcaaagca cgggcggtac tgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aacaacatgt cggctcaggc caagaactgg 1440

ctacccggtc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca gaacaacaac 1500

agcaactttg cctggacggg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggtg 1560

aatcctggcg ttgccatggc tacccacagg gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttaa tgtttgggaa acagggagct ggaagagaca acgtggacta tagcagcgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aataaggacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaatagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtgtggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcatac ggacggcaac tttcatccct cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg attaaaaaca cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaatcaggc caggctggct tctttcatca cgcagtacag taccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160

ggtacttatt ccgagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 909

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 909

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaggcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacag ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgcgc agtcttccag 360

gccaaaaagc gggttctcga acctctgggc ctggttgaat cgccggttag gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgctctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgcaaaaaag agactcaatt ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag cagccccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaggcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagaggc tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaagtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccagga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtgct cggctcggcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaatggcag tcaggctgtg ggccggtcgt ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgctgag aacgggcaac aactttgaat tcagctacaa cttcgaggac 1260

gtgcccttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg accggctgat gaaccctctc 1320

atcgaccagt acttgtacta cctgtcccgg actcaaagca cgggcggtac tgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aacaacatgt cggctcaggc caagaactgg 1440

ctacccggtc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca gaacaacaac 1500

agcaactttg cctggacggg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggtg 1560

aatcctggcg ttgccatggc tacccacagg gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttaa tgtttgggag acagggagct ggaagagaca acgtggacta tagcagcgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aataaggacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaatagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtgtggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcatac ggacggcaac tttcatccct cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg attaaaaaca cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaatcaggc caggctggct tctttcatca cgcagtacag taccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160

ggtacttatt ccgagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 910

<211> 744

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 910

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Gln Arg Gly Glu Ser Gly

580 585 590

His Gly Tyr Phe Ala Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly

595 600 605

Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

610 615 620

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser

625 630 635 640

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

645 650 655

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala

660 665 670

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

675 680 685

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

690 695 700

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp

705 710 715 720

Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly

725 730 735

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 911

<211> 8359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 911

catcatcaat aatatacctt attttggatt gaagccaata tgataatgag ggggtggagt 60

ttgtgacgtg gcgcggggcg tgggaacggg gcgggtgacg tagtagctct agaggtcctg 120

tattagaggt cacgtgagtg ttttgcgaca ttttgcgaca ccatgtggtc acgctgggta 180

tttaagcccg agtgagcacg cagggtctcc attttgaagc gggaggtttg aacgcgcagc 240

cgccatgccg gggttttacg agattgtgat taaggtcccc agcgaccttg acgagcatct 300

gcccggcatt tctgacagct ttgtgaactg ggtggccgag aaggaatggg agttgccgcc 360

agattctgac atggatctga atctgattga gcaggcaccc ctgaccgtgg ccgagaagct 420

gcagcgcgac tttctgacgg aatggcgccg tgtgagtaag gcaccggagg ccctttttctt 480

tgtgcaattt gagaagggag agagctactt ccacatgcac gtgctcgtgg aaaccaccgg 540

ggtgaaatcc atggttttgg gacgtttcct gagtcagatt cgcgaaaaac tgattcagag 600

aatttaccgc gggatcgagc cgactttgcc aaactggttc gcggtcacaa agaccagaaa 660

tggcgccgga ggcgggaaca aggtggtgga tgagtgctac atccccaatt acttgctccc 720

caaaacccag cctgagctcc agtgggcgtg gactaatatg gaacagtatt taagcgcctg 780

tttgaatctc acggagcgta aacggttggt ggcgcagcat ctgacgcacg tgtcgcagac 840

gcaggagcag aacaaagaga atcagaatcc caattctgat gcgccggtga tcagatcaaa 900

aacttcagcc aggtacatgg agctggtcgg gtggctcgtg gacaagggga ttacctcgga 960

gaagcagtgg atccaggagg accaggcctc atacatctcc ttcaatgcgg cctccaactc 1020

gcggtcccaa atcaaggctg ccttggacaa tgcgggaaag attatgagcc tgactaaaac 1080

cgcccccgac tacctggtgg gccagcagcc cgtggaggac atttccagca atcggattta 1140

taaaattttg gaactaaacg ggtacgatcc ccaatatgcg gcttccgtct ttctgggatg 1200

ggccacgaaa aagttcggca agaggaacac catctggctg tttgggcctg caactaccgg 1260

gaagaccaac atcgcggagg ccatagccca cactgtgccc ttctacgggt gcgtaaactg 1320

gaccaatgag aactttccct tcaacgactg tgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga 1380

ggggaagatg accgccaagg tcgtggagtc ggccaaagcc attctcggag gaagcaaggt 1440

gcgcgtggac cagaaatgca agtcctcggc ccagatagac ccgactcccg tgatcgtcac 1500

ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga cgggaactca acgaccttcg aacaccagca 1560

gccgttgcaa gaccggatgt tcaaatttga actcacccgc cgtctggatc atgactttgg 1620

gaaggtcacc aagcaggaag tcaaagactt tttccggtgg gcaaaggatc acgtggttga 1680

ggtggagcat gaattctacg tcaaaaaggg tggagccaag aaaagacccg cccccagtga 1740

cgcagatata agtgagccca aacgggtgcg cgagtcagtt gcgcagccat cgacgtcaga 1800

cgcggaagct tcgatcaact acgcagacag gtaccaaaac aaatgttctc gtcacgtggg 1860

catgaatctg atgctgtttc cctgcagaca atgcgagaga atgaatcaga attcaaatat 1920

ctgcttcact cacggacaga aagactgttt agagtgcttt cccgtgtcag aatctcaacc 1980

cgtttctgtc gtcaaaaagg cgtatcagaa actgtgctac attcatcata tcatgggaaa 2040

ggtgccagac gcttgcactg cctgcgatct ggtcaatgtg gatttggatg actgcatctt 2100

tgaacaataa atgatttaaa tcaggtatgg ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg 2160

aggacactct ctctgaagga ataagacagt ggtggaagct caaacctggc ccaccaccac 2220

caaagcccgc agagcggcat aaggacgaca gcaggggtct tgtgcttcct gggtacaagt 2280

acctcggacc cttcaacgga ctcgacaagg gagagccggt caacgaggca gacgccgcgg 2340

ccctcgagca cgacaaagcc tacgaccggc agctcgacag cggagacaac ccgtacctca 2400

agtacaacca cgccgacgcg gagtttcagg agcgccttaa agaagatacg tcttttgggg 2460

gcaacctcgg acgagcagtc ttccaggcga aaaagagggt tcttgaacct ctgggcctgg 2520

ttgaggaacc tgttaagacg gctccgggaa aaaagaggcc ggtagagcac tctcctgtgg 2580

agccagactc ctcctcggga accggaaagg cgggccagca gcctgcaaga aaaagattga 2640

attttggtca gactggagac gcagactcag tacctgaccc ccagcctctc ggacagccac 2700

cagcagcccc ctctggtctg ggaactaata cgatggctac aggcagtggc gcaccaatgg 2760

cagacaataa cgagggcgcc gacggagtgg gtaattcctc gggaaattgg cattgcgatt 2820

ccacatggat gggcgacaga gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct 2880

acaacaacca cctctacaaa caaatttcca gccaatcagg agcctcgaac gacaatcact 2940

actttggcta cagcacccct tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccactttt 3000

caccacgtga ctggcaaaga ctcatcaaca acaactgggg attccgaccc aagagactca 3060

acttcaagct ctttaacatt caagtcaaag aggtcacgca gaatgacggt acgacgacga 3120

ttgccaataa ccttaccagc acggttcagg tgtttactga ctcggagtac cagctcccgt 3180

acgtcctcgg ctcggcgcat caaggatgcc tcccgccgtt cccagcagac gtcttcatgg 3240

tgccacagta tggatacctc accctgaaca acgggagtca ggcagtagga cgctcttcat 3300

tttactgcct ggagtacttt ccttctcaga tgctgcgtac cggaaacaac tttaccttca 3360

gctacacttt tgaggacgtt cctttccaca gcagctacgc tcacagccag agtctggacc 3420

gtctcatgaa tcctctcatc gaccagtacc tgtattactt gagcagaaca aacactccaa 3480

gtggaaccac cacgcagtca aggcttcagt tttctcaggc cggagcgagt gacattcggg 3540

accagtctag gaactggctt cctggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat 3600

ctgcggataa caacaacagt gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg 3660

gcagagactc tctggtgaat ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa 3720

agttttttcc tcagagcggg gttctcatct ttgggaagca aggctcagag aaaacaaatg 3780

tggacattga aaaggtcatg attacagacg aagaggaaat caggacaacc aatcccgtgg 3840

ctacggagca gtatggttct gtatctacca acctccagag aggccagaga ggcgagtctg 3900

gtcatggtta ttttgcccag gcggccaccg cagatgtcaa cacacaaggc gttcttccag 3960

gcatggtctg gcaggacaga gatgtgtacc ttcaggggcc catctgggca aagattccac 4020

acacggacgg acattttcac ccctctcccc tcatgggtgg attcggactt aaacaccctc 4080

ctccacagat tctcatcaag aacaccccgg tacctgcgaa tccttcgacc accttcagtg 4140

cggcaaagtt tgcttccttc atcacacagt actccacggg acaggtcagc gtggagatcg 4200

agtgggagct gcagaaggaa aacagcaaac gctggaatcc cgaaattcag tacacttcca 4260

actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtggacac taatggcgtg tattcagagc 4320

ctcgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa 4380

ccgtttaatt cgtttcagtt gaactttggt ctctgcgtat ttctttctta tctagtttcc 4440

atgctctaga ggtcctgtat tagaggtcac gtgagtgttt tgcgacattt tgcgacacca 4500

tgtggtcacg ctgggtattt aagcccgagt gagcacgcag ggtctccatt ttgaagcggg 4560

aggtttgaac gcgcagccac cacggcgggg ttttacgaga ttgtgattaa ggtccccagc 4620

gaccttgacg agcatctgcc cggcatttct gacagctttg tgaactgggt ggccgagaag 4680

gaatgggagt tgccgccaga ttctgacatg gatctgaatc tgattgagca ggcacccctg 4740

accgtggccg agaagctgca tcgctggcgt aatagcgaag aggcccgcac cgatcgccct 4800

tcccaacagt tgcgcagcct gaatggcgaa tggcgattcc gttgcaatgg ctggcggtaa 4860

tattgttctg gatattacca gcaaggccga tagtttgagt tcttctactc aggcaagtga 4920

tgttattact aatcaaagaa gtattgcgac aacggttaat ttgcgtgatg gacagactct 4980

tttactcggt ggcctcactg attataaaaa cacttctcag gattctggcg taccgttcct 5040

gtctaaaatc cctttaatcg gcctcctgtt tagctcccgc tctgattcta acgaggaaag 5100

cacgttatac gtgctcgtca aagcaaccat agtacgcgcc ctgtagcggc gcattaagcg 5160

cggcgggtgt ggtggttacg cgcagcgtga ccgctacact tgccagcgcc ctagcgcccg 5220
ctcctttcgc tttcttccct tcctttctcg ccacgttcgc cggctttccc cgtcaagctc 5280
taaatcgggg gctcccttta gggttccgat ttagtgcttt acggcacctc gaccccaaaa 5340
aacttgatta gggtgatggt tcacgtagtg ggccatcgcc ctgatagacg gtttttcgcc 5400
ctttgacgtt ggagtccacg ttctttaata gtggactctt gttccaaact ggaacaacac 5460
tcaaccctat ctcggtctat tcttttgatt tataagggat tttgccgatt tcggcctatt 5520
ggttaaaaaa tgagctgatt taacaaaaat ttaacgcgaa ttttaacaaa atattaacgt 5580

ttacaattta aatatttgct tatacaatct tcctgttttt ggggcttttc tgattatcaa 5640
ccggggtaca tatgattgac atgctagttt tacgattacc gttcatcgat tctcttgttt 5700
gctccagact ctcaggcaat gacctgatag cctttgtaga gacctctcaa aaatagctac 5760
cctctccggc atgaatttat cagctagaac ggttgaatat catattgatg gtgatttgac 5820
tgtctccggc ctttctcacc cgtttgaatc tttacctaca cattactcag gcattgcatt 5880
taaaatatat gagggttcta aaaatttta tccttgcgtt gaaataaagg cttctcccgc 5940
aaaagtatta cagggtcata atgtttttgg tacaaccgat ttagctttat gctctgaggc 6000

tttattgctt aattttgcta attctttgcc ttgcctgtat gatttattgg atgttggaat 6060
tcctgatgcg gtattttctc cttacgcatc tgtgcggtat ttcacaccgc atatggtgca 6120
ctctcagtac aatctgctct gatgccgcat agttaagcca gccccgacac ccgccaacac 6180
ccgctgacgc gccctgacgg gcttgtctgc tcccggcatc cgcttacaga caagctgtga 6240
ccgtctccgg gagctgcatg tgtcagaggt tttcaccgtc atcaccgaaa cgcgcgagac 6300
gaaagggcct cgtgatacgc ctatttttat aggttaatgt catgataata atggtttctt 6360
agacgtcagg tggcactttt cggggaaatg tgcgcggaac ccctatttgt ttatttttct 6420

aaatacattc aaatatgtat ccgctcatga gacaataacc ctgataaatg cttcaataat 6480
attgaaaaag gaagagtatg agtattcaac atttccgtgt cgcccttatt ccctttttg 6540
cggcattttg ccttcctgtt tttgctcacc cagaaacgct ggtgaaagta aaagatgctg 6600
aagatcagtt gggtgcacga gtgggttaca tcgaactgga tctcaacagc ggtaagatcc 6660
ttgagagttt tcgccccgaa gaacgttttc caatgatgag cacttttaaa gttctgctat 6720
gtggcgcggt attatcccgt attgacgccg ggcaagagca actcggtcgc cgcatacact 6780
attctcagaa tgacttggtt gagtactcac cagtcacaga aaagcatctt acggatggca 6840

tgacagtaag agaattatgc agtgctgcca taaccatgag tgataacact gcggccaact 6900

tacttctgac aacgatcgga ggaccgaagg agctaaccgc ttttttgcac aacatggggg 6960

atcatgtaac tcgccttgat cgttgggaac cggagctgaa tgaagccata ccaaacgacg 7020

agcgtgacac cacgatgcct gtagcaatgg caacaacgtt gcgcaaacta ttaactggcg 7080

aactacttac tctagcttcc cggcaacaat taatagactg gatggaggcg gataaagttg 7140

caggaccact tctgcgctcg gcccttccgg ctggctggtt tattgctgat aaatctggag 7200

ccggtgagcg tgggtctcgc ggtatcattg cagcactggg gccagatggt aagccctccc 7260

gtatcgtagt tatctacacg acggggagtc aggcaactat ggatgaacga aatagacaga 7320

tcgctgagat aggtgcctca ctgattaagc attggtaact gtcagaccaa gtttactcat 7380

atatacttta gattgattta aaacttcatt tttaatttaa aaggatctag gtgaagatcc 7440

tttttgataa tctcatgacc aaaatccctt aacgtgagtt ttcgttccac tgagcgtcag 7500

accccgtaga aaagatcaaa ggatcttctt gagatccttt ttttctgcgc gtaatctgct 7560

gcttgcaaac aaaaaaacca ccgctaccag cggtggtttg tttgccggat caagagctac 7620

caactctttt tccgaaggta actggcttca gcagagcgca gataccaaat actgtccttc 7680

tagtgtagcc gtagttaggc caccacttca agaactctgt agcaccgcct acatacctcg 7740

ctctgctaat cctgttacca gtggctgctg ccagtggcga taagtcgtgt cttaccgggt 7800

tggactcaag acgatagtta ccggataagg cgcagcggtc gggctgaacg gggggttcgt 7860

gcacacagcc cagcttggag cgaacgacct acaccgaact gagataccta cagcgtgagc 7920

tatgagaaag cgccacgctt cccgaaggga gaaaggcgga caggtatccg gtaagcggca 7980

gggtcggaac aggagagcgc acgagggagc ttccaggggg aaacgcctgg tatctttata 8040

gtcctgtcgg gtttcgccac ctctgacttg agcgtcgatt tttgtgatgc tcgtcagggg 8100

ggcggagcct atggaaaaac gccagcaacg cggccttttt acggttcctg gccttttgct 8160

ggccttttgc tcacatgttc tttcctgcgt tatcccctga ttctgtggat aaccgtatta 8220

ccgcctttga gtgagctgat accgctcgcc gcagccgaac gaccgagcgc agcgagtcag 8280

tgagcgagga agcggaagag cgcccaatac gcaaaccgcc tctccccgcg cgttggccga 8340

ttcattaatg cagaattcc 8359

<210> 912

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (168)..(168)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (204)..(204)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (266)..(266)

<223> /replace="Gly"

<220><221> VARIANT

<222> (311)..(311)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (411)..(411)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (460)..(460)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (493)..(493)

<223> /replace="Thr"

<220><221> VARIANT

<222> (562)..(562)

<223> /replace="Asn"

<220><221> VARIANT

<222> (576)..(576)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (587)..(587)

<223> /replace="Ala"

<220><221> VARIANT

<222> (609)..(609)

<223> /replace="Asp

<220><221> SITE

<222> (1)..(736)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations for variant positions"

<400> 912

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 913

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (502)..(504)

<223> /replace="agg"

<220><221> variation

<222> (610)..(612)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (796)..(798)

<223> /replace="ggc"

<220><221

> variation

<222> (931)..(933)

<223> /replace="aag"

<220><221> variation

<222> (1231)..(1233)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1378)..(1380)

<223> /replace="gag"

<220><221> variation

<222> (1477)..(1479)

<223> /replace="acc"

<220><221> variation

<222> (1684)..(1686)

<223> /replace="aac"

<220><221> variation

<222> (1726)..(1728)

<223> /replace="gag"

<220><221> variation

<222> (1759)..(1761)

<223> /replace="gcc"

<220><221> variation

<222> (1825)..(1827)

<223> /replace="gac"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2208)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 913

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcaatcaccc caggaaccag actcctcttc gggcatcggc 480

aagaaaggcc agcagcccgc gaagaagaga ctcaactttg ggcagacagg cgactcagag 540

tcagtgcccg accctcaacc actcggagaa ccccccgcag ccccctctgg tgtgggatct 600

aatacaatgg cagcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaacg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctcccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat cgggagcaag caccaacgac aacacctact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcacc acgaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatgattc ctcagtacgg gtacctgact 1140

ctgaacaatg gcagtcaggc cgtgggccgt tcctccttct actgcctgga gtactttcct 1200

tctcaaatgc tgagaacggg caacaacttt gagttcagct acacgtttga ggacgtgcct 1260

tttcacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaaccc cctcatcgac 1320

cagtacctgt actacctgtc tcggactcag accacgagtg gtaccgcagg aaatcggacg 1380

ttgcaatttt ctcaggccgg gcctagtagc atggcgaatc aggccaaaaa ctggctaccc 1440

gggccctgct accggcagca acgcgtctcc aagacagcga atcaaaataa caacagcaac 1500

tttgcctgga ccggtgccac caagtatcat ctgaatggca gagactctct ggtaaatccc 1560

ggtcccgcta tggcaaccca caaggacgac gaagacaaat tttttccgat gagcggagtc 1620

ttaatatttg ggaaacaggg agctggaaat agcaacgtgg accttgacaa cgttatgata 1680

accagtgagg aagaaattaa aaccaccaac ccagtggcca cagaacagta cggcacggtg 1740

gccactaacc tgcaatcgtc aaacaccgct cctgctacag ggaccgtcaa cagtcaagga 1800

gccttacctg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc tatctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg acactttcat ccctcgccgc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacacccgc ctcctcagat cctgattaag aatacacctg ttcccgcgaa tcctccaact 1980

accttcagtc cagctaagtt tgcgtcgttc atcacgcagt acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaaccc agagattcaa 2100

tacacttcca actacaacaa atctacaaat gtggactttg ctgttgacac aaatggcgtt 2160

tattctgagc ctcgccccat cggcacccgt tacctcaccc gtaatctg 2208

<210> 914

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (157)..(157)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (168)..(168)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (262)..(262)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (263)..(263)

<223> /replace="His"

<220><221> VARIANT

<222> (312)..(312)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (412)..(412)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (460)..(460)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (461)..(461)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (552)..(552)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (556)..(556)

<223> /replace="Tyr"

<220><221> VARIANT

<222> (557)..(557)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (563)..(563)

<223> /replace="Asn"

<220><221> VARIANT

<222> (580)..(580)

<223> /replace="Ile"

<220><221> VARIANT

<222> (588)..(588)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (664)..(664)

<223> /replace="Thr

<220><221> SITE

<222> (1)..(737)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 914

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
```

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe
450 455 460

Ser Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560

Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Val Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro
580 585 590

Gln Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 915
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"
<220><221> variation
<222> (469)..(471)
<223> /replace="agc"
<220><221> variation
<222> (502)..(504)
<223> /replace="aga"
<220><221> variation
<222> (784)..(786)

<223> /replace="agt"

<220><221> variation

<222> (787)..(789)

<223> /replace="cac"

<220><221> variation

<222> (934)..(936)

<223> /replace="aag"

<220><221> variation

<222> (1234)..(1236)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1378)..(1380)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1381)..(1383)

<223> /replace="gag"

<220><221> variation

<222> (1654)..(1656)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (1666)..(1668)

<223> /replace="tac"

<220><221> variation

<222> (1669)..(1671)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (1687)..(1689)

<223> /replace="aac"

<220><221> variation

<222> (1738)..(1740)

<223> /replace="atc"

<220><221> variation

<222> (1762)..(1764)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (1990)..(1992)

<223> /replace="acc"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2211)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 915

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcaatcaccc caggaaccag actcctctac gggcatcggc 480

aagaaaggcc agcagcccgc gaaaaagaga ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag 540

tcagtgcccg accctcaacc actcggagaa ccccccgcag ccccctctgg tgtgggatct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctcccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacagcc aatcgggagg aagcaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgac gaatgatggc accacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tctttacgga ctcggaatac cagctcccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cgggtacctg 1140

actctgaaca atggcagtca ggccgtgggc cgttcctcct tctactgcct ggagtacttt 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacacgtt tgaggacgtg 1260

ccttttcaca gcagctacgc gcacagccaa agcctggacc ggctgatgaa ccccctcatc 1320

gaccagtacc tgtactacct gtctcggact cagaccacgg gaggtaccgc aggaaatcgg 1380

acgttgcaat tttctcaggc cgggcctagt agcatggcga atcaggccaa aaactggcta 1440

cccgggccct gctaccggca gcaacgcgtc tccaagacaa cgaatcaaaa taacaacagc 1500

aactttgcct ggaccggtgc caccaagtat catctgaatg gcagagactc tctggtaaat 1560

cccggtgtcg ctatggcaac ccacaaggac gacgaagacc gatttttcc gtccagcgga 1620

gtcttaatat ttgggaaaca gggagctgga aatgacaacg tggaccttga caacgttatg 1680

ataaccagtg aggaagaaat taaaaccacc aacccagtgg ccacagaaga gtacggcgtg 1740

gtggccacta acctgcaatc ggcaaacacc gctcctcaaa cagggaccgt caacagtcaa 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcctatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggaaacttt catccctcgc cgctgatggg aggctttgga 1920

ctgaaacacc cgcctcctca gatcctgatt aagaatacac ctgttcccgc gaatcctcca 1980

actaccttca gtccagctaa gtttgcgtcg ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa cccagagatt 2100

caatacactt ccaactacaa caaatctaca aatgtggact ttgctgttga cacagaaggc 2160

gtttattctg agcctcgccc catcggcacc cgttacctca cccgtaatct g 2211

<210> 916

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (158)..(158)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (169)..(169)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (564)..(564)

<223> /replace="Asn

<220><221> SITE

<222> (1)..(738)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations for variant positions"

<400> 916

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Arg Glu Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Thr Leu Gln

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Val Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Gln Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 917

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (472)..(474)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (505)..(507)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (1690)..(1692)

<223> /replace="aac"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2214)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations for variant positions"

<400> 917

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcagtcacca cagcgtgagc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccaaaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

tctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gacgaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccgtcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aactttcaat tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagacta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagacgttgc agttttctca ggccgggcct agcagcatgg cgaatcaggc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga caacgaatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcgtcctca tatttggcaa gcagggagct ggaaatgaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgataacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga agagtatggc 1740

gtggtggcta ctaacctaca gtcggcaaac accgctcctc aaacggggac cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 918

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (158)..(158)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (169)..(169)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (315)..(315)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (413)..(413)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (472)..(472)

<223> /replace="Thr" or "Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (534)..(534)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (542)..(542)

<223> /replace="Val"

<220><221> VARIANT

<222> (595)..(595)

<223> /replace="Val

<220><221> SITE

<222> (1)..(738)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 918

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Arg Glu Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Thr Leu Gln

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 919
<211> 2214
<212
> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<220><221> variation
<222> (472)..(474)
<223> /replace="agc"
<220><221> variation
<222> (505)..(507)
<223> /replace="aag"
<220><221> variation
<222> (943)..(945)
<223> /replace="agc"
<220><221> variation
<222> (1237)..(1239)
<223> /replace="gaa"
<220><221> variation
<222> (1414)..(1416)
<223> /replace="aac" or "agc"
<220><221> variation
<
222> (1600)..(1602)
<223> /replace="gag"
<220><221> variation
<222> (1624)..(1626)

<223> /replace="gtc"

<220><221> variation

<222> (1783)..(1785)

<223> /replace="gta"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2214)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 919

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcagtcacca cagcgtgagc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

tctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aactttcaat tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagacta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagacgttgc agttttctca ggccgggcct agcaccatgg cgaatcaggc caaaaactgg 1440
ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga caacgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560
aatccgggcg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620
ggcatcctca tatttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680
atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga agagtatggc 1740
gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctcctc aaatagggac cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacaacgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160
ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 920
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<220><221> VARIANT
<222> (169)..(169)
<223> /replace="Lys"
<220><221> VARIANT
<222> (315)..(315)
<223> /replace="Ser"
<220><221> VARIANT
<222> (534)..(534)
<223> /replace="Glu"
<220><221> VARIANT

<222> (542)..(542)

<223> /replace="Val

<220><221> SITE

<222> (1)..(738)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 920

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 921

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (505)..(507)

<223> /replace="aaa"

<220><221> variation

<222> (943)..(945)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (1600)..(1602)

<223> /replace="gag"

<220><221> variation

<222> (1624)..(1626)

<223> /replace="gtc"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2214)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations for variant positions"

<400> 921

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aactttgagt tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800
cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacaacgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 922
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<220><221> VARIANT
<222> (471)..(471)
<223> /replace="Asn
<220><221> SITE
<222> (1)..(738)
<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"
<400> 922
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 923

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (1411)..(1413)

<223> /replace="aat"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2214)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 923

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaaccccccg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacttcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaatggcag tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgctgag aacgggcaac aactttgagt tcagctacac gtttgaggac 1260

gtgccttttc acagcagcta cgcgcacagc caaagcctgg accggctgat gaaccccctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct agtaacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440

ctacccgggc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca aaataacaac 1500

agcaactttg cctggaccgg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta 1560

aatcccggtg tcgctatggc aacccacaag gacgacgaag agcgattttt tccgtccagc 1620

ggagtcttaa tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gtgaggaaga aattaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac accgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggaaac tttcatccct cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaaac acccgcctcc tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccaactacct tcagtcaagc taagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaagaaaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcaataca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taacacagaa 2160

ggcacttatt ctgagcctcg ccccatcggc acccgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 924

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (148)..(148)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (169)..(169)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (314)..(314)

<223> /replace="Asn"

<220><221> VARIANT

<222> (466)..(466)

<223> /replace="His"

<220><221> VARIANT

<222> (563)..(563)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (580)..(580)

<223> /replace="Ile"

<220><221> VARIANT

<222> (588)..(588)

<223> /replace="Ser

<220><221> SITE

<222> (1)..(737)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 924

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
```

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro
580 585 590
Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Asp Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 925

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (442)..(444)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (505)..(507)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (940)..(942)

<223> /replace="aac"

<220><221> variation

<222> (1396)..(1398)

<223> /replace="cac"

<220><221> variation

<222> (1687)..(1689)

<223> /replace="agt"

<220><221> variation

<222> (1738)..(1740)

<223> /replace="ata"

<220><221> variation

<222> (1762)..(1764)

<223> /replace="tct"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2211)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 925

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtcattt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccaaaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

attaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc aaagtgcagg tagtaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctgc ggttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gttacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tattctcgga ctcggaatac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca atggcagtca gtctgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200

ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtact tgtactacct ggccagaaca cagagtacca caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca ggccgggcct tcaactatgg ccgaacaagc caagaattgg 1440

ttacctggac cttgctaccg gcaacaaaga gtctccaaaa cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcgttggtt 1560

aatcccggcg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaacaaaa ctacattgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaagaaat taaaactact aatcctgtag ccacggaaga atacggggta 1740

gtcagcagca acttacaatc ggctaatact gcaccccaga cacaaactgt caacagccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga tggcaacttt cacccgtctc ctttgatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatcctgatc aagaacactc ccgttcccgc taatcctccg 1980

gaggtgttta ctcctgccaa gtttgcttcg ttcatcacac agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatt 2100

cagtacacct ccaactatga taagtcgact aatgtggact ttgccgttga cagcgagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc tattggcact cgttacctca cccgtaatct g 2211

<210> 926

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (162)..(162)

<223> /replace="Thr"

<220><221> VARIANT

<222> (168)..(168)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (224)..(224)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (310)..(310)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (410)..(410)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (446)..(446)

<223> /replace="Asn"

<220><221> VARIANT

<222> (461)..(461)

<223> /replace="Leu"

<220><221> VARIANT

<222> (471)..(471)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (708)..(708)

<223> /replace="Thr

<220><221> SITE

<222> (1)..(735)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 926

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445
Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gln Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ala Gly Ala Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 927

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (484)..(486)

<223> /replace="aca"

<220><221> variation

<222> (502)..(504)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (670)..(672)

<223> /replace="tcc"

<220><221> variation

<222> (928)..(930)

<223> /replace="aaa"

<220><221> variation

<222> (1228)..(1230)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1336)..(1338)

<223> /replace="aac"

<220><221> variation

<222> (1381)..(1383)

<223> /replace="ctg"

<220><221> variation

<222> (1411)..(1413)

<223> /replace="tct"

<220><221> variation

<222> (2122)..(2124)

<223> /replace="acc"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2205)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 927

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctcttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagtcaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcag ccccctctgg tgtgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtcaat caggggccag caacgacaac cactacttcg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgatt tcaacagatt ccactgccat ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaatt ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctcttcaa catccaagtc 960

aaggaggtca cgacgaatga tggcaccacg accatcgcta ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtcttca cggactcgga gtaccagttg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc 1080

tgcctccctc cgttcccggc ggacgtgttc atgattccgc agtacggcta cctaacgctc 1140

aacaatggca gccaggcagt gggacggtca tccttttact gcctggaata tttcccatcg 1200

cagatgctga gaacgggcaa taactttacc ttcagctaca ccttcgagga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgcgcacag ccagagcctg gaccggctga tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acctgagcag aactcagact acgtccggaa ctgcccaaaa cagggagttg 1380

cagtttagcc aggcgggtcc atctagcatg gctaatcagg ccaaaaactg gctacctgga 1440

ccctgttacc ggcagcagcg cgtttctaaa acagcaaatg acaacaacaa cagcaacttt 1500

gcctggactg gtgctacaaa atatcacctt aatgggcgtg attctttagt caaccctggc 1560

cctgctatgg cctcacacaa agacgacgaa gacaagttct ttcccatgag cggtgtcttg 1620

attttggaa agcagggcgc cggagcttca aacgttgatt tggacaatgt catgatcaca 1680

gacgaagagg aaatcaaaac cactaacccc gtggccaccg aacaatatgg gactgtggca 1740

accaatctcc agagcagcaa cacagcccct gcgaccggaa ctgtgaattc tcagggagcc 1800

ttacctggaa tggtgtggca agacagagac gtatacctgc agggtcctat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggatggaca ctttcacccg tctcctctca tgggcggctt tggacttaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccgacaacg 1980

ttttcgcctg caaagtttgc ttcattcatc acccagtatt ccacaggaca agtgagcgtg 2040

gagattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatcccga aatacagtat 2100

acatctaact ataataaatc tgccaacgtt gatttcactg tggacaccaa tggagtttat 2160

agtgagcctc gccccattgg cacccgttac ctcacccgta acctg 2205

<210> 928

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (42)..(42)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (168)..(168)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (310)..(310)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (410)..(410)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (446)..(446)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (461)..(461)

<223> /replace="Leu"

<220><221> VARIANT

<222> (471)..(471)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (475)..(475)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (504)..(504)

<223> /replace="Ala"

<220><221> VARIANT

<222> (539)..(539)

<223> /replace="Asn

<220><221> SITE

<222> (1)..(735)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations for variant positions"

<400> 928

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

```
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145                 150                 155                 160
Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
            260                 265                 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

        275                 280                 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
    290                 295                 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305                 310                 315                 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
                325                 330                 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
```

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Ala Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 929

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (124)..(126)

<223> /replace="agt"

<220><221> variation

<222> (502)..(504)

<223> /replace="aaa"

<220><221> variation

<222> (928)..(930)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (1228)..(1230)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1336)..(1338)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (1381)..(1383)

<223> /replace="ctc"

<220><221> variation

<222> (1411)..(1413)

<223> /replace="tct"

<220><221> variation

<222> (1423)..(1425)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (1510)..(1512)

<223> /replace="gcg"

<220><221> variation

<222> (1615)..(1617)

<223> /replace="aac"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2205)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 929

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg atctgaaacc tggagcccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gacggtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccttaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga acagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtattggc 480

aaatcgggcc aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg agactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag ccccctcagg tgtgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcaacttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atgatccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttcaca ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgagcag aacgcaaaca acctctggaa caacccaaca atcacggctg 1380

caatttagcc aggctgggcc ttcgtctatg gctcagcagg ccaaaaattg gctacctggg 1440

ccctgctacc ggcaacagag agtttcaaag actgctaacg acaacaacaa cagtaacttt 1500

gcttggacag gggccaccaa atatcatctc aatggccgcg actcgctggt gaatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggacgatgaa gaaaaatttt tccctatgca cggcgttcta 1620

atatttggca aacaagggac aggggcaagt aacgtagatt tagataatgt aatgattacg 1680

gatgaagaag agattcgtac caccaatcct gtggcaacag agcagtatgg aactgtggca 1740

actaacttgc agagctcaaa tacagctccc gcgactggaa ctgtcaatag tcaggggggcc 1800

ttacctggca tggtgtggca agatcgtgac gtgtaccttc aaggacctat ctgggcaaag 1860

attcctcaca cggatggaca ctttcatcct tctcctctga tgggaggctt tggactgaaa 1920

catccgcctc ctcaaatctt gatcaaaaat actccggtac cggcaaatcc tccgacgact 1980

ttcagcccgg ccaagtttgc ttcatttatc actcagtact ccactggaca ggtcagcgtg 2040

gaaattgagt gggagctaca gaaagaaaac agcaaacgtt ggaatccaga gattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tagacactaa tggtgtttat 2160

agtgaacctc gccctattgg aacccggtat ctcacacgaa acttg 2205

<210> 930

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 930

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 931

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 931

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Thr Asn Asp Asn Thr

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 932

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 932

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 933
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 933

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 934

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 934

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 935

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 935

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 936

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 936

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 937

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 937

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 938

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 938

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcaatcaccc caggaaccag actcctcttc gggcatcggc 480

aagaaaggcc agcagcccgc gaaaaagaga ctcaactttg ggcagacagg cgactcagag 540

tcagtgcccg accctcaacc actcggagaa ccccccgcag ccccctctgg tgtgggatct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaacg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctcccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat cgggagcaag caccaacgac aacacctact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcacc acgaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatgattc ctcagtacgg gtacctgact 1140

ctgaacaatg gcagtcaggc cgtgggccgt tcctccttct actgcctgga gtactttcct 1200

tctcaaatgc tgagaacggg caacaacttt gagttcagct acacgtttga ggacgtgcct 1260

tttcacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaaccc cctcatcgac 1320

cagtacctgt actacctgtc tcggactcag accacgagtg gtaccgcagg aaatcggacg 1380

ttgcaatttt ctcaggccgg gcctagtagc atggcgaatc aggccaaaaa ctggctaccc 1440

gggccctgct accggcagca acgcgtctcc aagacagcga atcaaaataa caacagcaac 1500

tttgcctgga ccggtgccac caagtatcat ctgaatggca gagactctct ggtaaatccc 1560

ggtcccgcta tggcaaccca caaggacgac gaagacaaat tttttccgat gagcggagtc 1620

ttaatatttg ggaaacaggg agctggaaat agcaacgtgg accttgacaa cgttatgata 1680

accagtgagg aagaaattaa aaccaccaac ccagtggcca cagaacagta cggcacggtg 1740

gccactaacc tgcaatcgtc aaacaccgct cctgctacag ggaccgtcaa cagtcaagga 1800

gccttacctg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc tatctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg acactttcat ccctcgccgc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacacccgc ctcctcagat cctgattaag aatacacctg ttcccgcgaa tcctccaact 1980

accttcagtc cagctaagtt tgcgtcgttc atcacgcagt acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaaccc agagattcaa 2100

tacacttcca actacaacaa atctacaaat gtggactttg ctgttgacac aaatggcgtt 2160

tattctgagc ctcgccccat cggcacccgt tacctcaccc gtaatctgta a 2211

<210> 939

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 939

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 940
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 940
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cgcgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgag tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa caggcaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc atgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacacac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ccgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 941

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 941

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cgcgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgag tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa caggcaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc atgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacacac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ccgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 942

<211> 2202

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 942

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg acttgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgaac acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc cgagtttcag 300

gagcgtcttc aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg gacgagcagt cttccaggcc 360

aaaaagagga tccttgagcc tctgggtctg gttgaggaag cggctaagac ggctcctgga 420

aaaaagagac ctgtagagca atctccagca gaaccggact cctcttcggg catcggcaaa 480

tcaggccagc agcccgctag aaaaagactg aattttggtc agactggcga cacagagtca 540

gtcccagacc ctcaaccact cggacaacct cccgcagccc cctctggtgt gggatctact 600

acaatggctt caggcggtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggtgc cgatggagtg 660

ggtaattcct caggaaattg gcattgcgat tcccaatggc tgggcgacag agtcatcacc 720

accagcaccc gcacctgggc cctgcccacc tacaacaatc acctctacaa gcaaatctcc 780

agccaatcag gagccaccaa cgacaaccac tactttggct acagcacccc ctgggggtat 840

tttgacttca acagattcca ctgccacttt tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac 900

aacaactggg gattccgacc caagagactc aacttcaagc tctttaacat tcaagtcaaa 960

gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg attgccaata accttaccag cacggttcag 1020

gtgtttactg actccgagta ccagctcccg tacgtcctcg gctcggcgca tcagggatgc 1080

ctcccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg gtcccacagt atggatacct caccctgaac 1140

aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc ttttactgcc tggagtactt tccttctcag 1200

atgctgcgta ctggaaacaa ctttcagttt agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 1260

agcagctacg ctcacagcca aagtctggac cgtctcatga atcctctgat cgaccagtac 1320

ctgtactatc tgaacaggac acaaacagcc agtggaactc agcagtctcg gctactgttt 1380

agccaagctg gacccaccag tatgtctctt caagctaaaa actggctgcc tggaccttgc 1440

tacagacagc agcgtctgtc aaagcaggca aacgacaaca acaacagcaa ctttccctgg 1500

actggtgcca ccaaatatca tctgaatggc cgggactcat tggtgaaccc gggccctgct 1560

atggccagtc acaaggatga caaagaaaag ttttttcccca tgcatggaac cctgatattt 1620

ggtaaagaag gaacaaatgc caacaacgcg gatttggaaa atgtcatgat tacagatgaa 1680

gaagaaatcc gcaccaccaa tcccgtggct acggagcagt acgggactgt gtcaaataat 1740

ttgcaaaact caaacgctgg tccaactact ggaactgtca atcaccaagg agcgttacct 1800

ggtatggtgt ggcaggatcg agacgtgtac ctgcagggac ccatttgggc caagattcct 1860

cacaccgatg gacactttca tccttctcca ctgatgggag gttttgggct caaacacccg 1920

cctcctcaga tcatgatcaa aaacactccc gttccagcca atcctcccac aaactttagt 1980

gcggcaaagt ttgcttcctt catcacacag tactccacgg ggcaggtcag cgtggagatc 2040

gagtgggagc tgcagaagga gaacagcaaa cgctggaatc ccgaaattca gtacacttcc 2100

aactacaaca aatctgttaa tgtggacttt actgtggaca ctaatggtgt gtattcagag 2160

cctcgcccca ttggcaccag atacctgact cgtaatctgt aa 2202

<210> 943

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 943

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc actttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ccgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 944
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 944

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
aagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggagagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ccgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 945

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 945

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc actttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacacac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ccgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 946

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 946

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt attgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acacctttga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aaccagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agctcaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aaacacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ccgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 947

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 947

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcagtcgccc caagaaccag actcctcatc gggcatcggc 480

aaatcaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatt 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctataaca accacctcta caaacaaatc 780

tccagcgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg attttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acacattcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacttgt attacctaaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcttcaca caaagacgac gaagacaagt tctttccaat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gcaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc aatttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagtt gcagaaagaa aacagcaagc gttggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcta attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 948

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 948

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcaccc caagaaccag actcctcctc gggcattggc 480

aaatcaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tttgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagcaaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagc 2040

gtggaaattg aatgggagtt gcagaaagaa aacagtaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcta attatgcaaa atctgccaac gttgacttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 949

<211> 2970

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 949

agatgaccgc caaggtcgta gagtccgcca aggccattct gggcggcagc aaggtgcgcg 60

tggaccaaaa atgcaaggcc tctgcgcaga tcgaccccac ccccgtgatc gtcacctcca 120

acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga acagcaccac cttcgagcac cagcagcccc 180

tgcaggaccg gatgttcaag tttgaactca cccgccgcct cgactacgac tttggcaagg 240

tcaccaagca ggaagtcaag gacttttcc ggtgggcggc tgatcacgtg actgacgtgg 300

ctcatgagtt ttacgtcaca aagggtggag ctaagaaaag gcccgccccc tctgacgagg 360

atataagcga gcccaagcgg ccgcgcgtgt catttgcgca gccggagacg tcagacgcgg 420

aagctcccgg agacttcgcc gacaggtacc aaaacaaatg ttctcgtcac gcgggtatgc 480

tgcagatgct ctttccctgc aagacgtgcg agagaatgaa tcagaattcc aacgtctgct 540

tcacgcacgg tcagaaagat tgcggggagt gctttcccgg gtcagaatct caaccggttt 600

ctgtcgtcag aaaaacgtat cagaaactgt gcatccttca tcagctccgg ggggcacccg 660

agatcgcctg ctctgcttgc gaccaactca accccgattt ggacgattgc caatttgagc 720

aataaatgac tgaaatcagg tatggctgct gacggttatc ttccagattg gctcgaggac 780

aacctctctg aaggcattcg cgagtggtgg gcgctgaaac ctggagctcc acaacccaag 840

gccaaccaac agcatcagga caacggcagg ggtcttgtgc ttcctgggta caagtacctc 900

ggaccttca acggactcga caagggagag ccggtcaacg aggcagacgc cgcggccctc 960

gagcacgaca aggcctacga caagcagctc gagcaggggg acaacccgta tctcaagtac 1020

aaccacggcg acgccgagtt ccagcagcgc ttggcgaccg acacctcttt tgggggcaac 1080

ctcgggcgag cagtcttcca ggccaaaaag aggattctcg agcctctggg tctggttgaa 1140

gagggcgtta aaacggctcc tggaaagaaa cgcccattag aaaagactcc aaatcggccg 1200

accaacccgg actctgggaa ggccccggcc aagaaaaagc aaaaagacgg cgaaccagcc 1260

gactctgcta gaaggacact cgactttgaa gactctggag caggagacgg acccccctgag 1320

ggatcatctt ccggagaaat gtctcatgat gctgagatgc gtgcggcgcc aggcggaaat 1380

gctgtcgagg cgggacaagg tgccgatgga gtgggtaatg cctccggtga ttggcattgc 1440

gattccacct ggtcagaggg ccgagtcacc accaccagca cccgaacctg ggtcctaccc 1500

acgtacaaca accacctgta cctgcgaatc ggaacaacgg ccaacagcaa cacctacaac 1560

ggattctcca ccccctgggg atactttgac tttaaccgct tccactgcca cttttcccca 1620

cgcgactggc agcgactcat caacaacaac tggggactca ggccgaaatc gatgcgtgtt 1680

aaaatcttca acatacaggt caaggaggtc acgacgtcaa acggcgagac tacggtcgct 1740

aataacctta ccagcacggt tcagatcttt gcggattcga cgtatgaact cccatacgtg 1800

atggacgccg gtcaggaggg gagctttcct ccgtttccca acgacgtctt tatggttccc 1860

caatacggat actgcggagt tgtcactgga aaaaaccaga accagacaga cagaaatgcc 1920

ttttactgcc tggaatactt tccatcccaa atgctaagaa ctggcaacaa ttttgaagtc 1980

agttaccaat ttgaaaaagt tcctttccat tcaatgtacg cgcacagcca gagcctggac 2040

agaatgatga atcctttact ggatcagtac ctgtggcatc tgcaatcgac cactaccgga 2100

aattccctta atcaaggaac agctaccacc acgtacggga aaattaccac tggagacttt 2160

gcctactaca ggaaaaactg gttgcctgga gcctgcatta aacaacaaaa attttcaaag 2220

aatgccaatc aaaactacaa gattcccgcc agcgggggag acgccctttt aaagtatgac 2280

acgcatacca ctctaaatgg gcgatggagt aacatggctc ctggacctcc aatggcaacc 2340

gcaggtgccg gggactcgga ttttagcaac agccagctga tctttgccgg acccaatccg 2400

agcggtaaca cgaccacatc ttcaaacaat ttgttgttta cctcagaaga ggagattgcc 2460

acaacaaacc cacgagacac ggacatgttt ggacagattg cagataataa tcaaaatgcc 2520

accaccgccc ctcacatcgc taacctggac gctatgggaa ttgttcccgg aatggtctgg 2580

caaaacagag acatctacta ccagggccct atttgggcca aggtccctca cacggacgga 2640

cactttcacc cttcgccgct gatgggagga tttggactga aacacccgcc tccacagatt 2700

ttcatcaaaa acacccccgt acccgccaat cccaatacta cctttagcgc tgcaaggatt 2760

aattcttttc tgacgcagta cagcaccgga caagttgccg ttcagatcga ctgggaaatt 2820

cagaaggagc attccaaacg ctggaatccc gaagttcaat ttacttcaaa ctacggcact 2880

caaaattcta tgctgtgggc tcccgacaat gctggcaact accacgaact ccgggctatt 2940

gggtcccgtt tcctcaccca ccacttgtaa 2970

<210> 950

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 950

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Gly Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly His Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr His Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 951

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 951

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Gly Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly His Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr His Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735
<210> 952
<211> 733
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 952

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Val Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly
165 170 175

Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro Ala
180 185 190

Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala
195 200 205

Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser

210 215 220

Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr

225 230 235 240

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr

245 250 255

Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe

260 265 270

Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys

275 280 285

His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly

290 295 300

Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys

305 310 315 320

Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr

325 330 335

Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val

340 345 350

Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val

355 360 365

Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln

370 375 380

Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln

385 390 395 400

Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp

405 410 415

Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu

420 425 430

Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr Gln

435 440 445

Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly

450 455 460

Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480
Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn Ser

485 490 495
Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
500 505 510
Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Lys
515 520 525
Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu Gly
530 535 540
Thr Asn Ala Asn Asn Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp Glu

545 550 555 560
Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Thr
565 570 575
Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Ala Gly Pro Thr Thr Gly Thr
580 585 590
Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp
595 600 605
Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly

610 615 620
His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640
Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro
645 650 655
Thr Asn Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn

675 680 685
Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn Lys
690 695 700
Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser Glu

705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 953

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221

> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 953

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 954

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 954

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Lys Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

```
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
    370                 375                 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385                 390                 395                 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
                405                 410                 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
            420                 425                 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
        435                 440                 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

    450                 455                 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

        515                 520                 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
    530                 535                 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545                 550                 555                 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
                565                 570                 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

            580                 585                 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
        595                 600                 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
```

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 955

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 955

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr His Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 956

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 956

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

```
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
        275                 280                 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

    290                 295                 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305                 310                 315                 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
                325                 330                 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
            340                 345                 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

        355                 360                 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
    370                 375                 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385                 390                 395                 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
                405                 410                 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

            420                 425                 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
        435                 440                 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
    450                 455                 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Leu Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
```

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 957

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 957

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gly Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 958

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 958

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Leu Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Lys Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 959

<211> 742

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 959

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Ala Thr Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

```
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Leu Glu Lys Thr Pro Asn Arg Pro Thr Asn Pro Asp Ser Gly Lys
145                 150                 155                 160
Ala Pro Ala Lys Lys Lys Gln Lys Asp Gly Glu Pro Ala Asp Ser Ala
                165                 170                 175
Arg Arg Thr Leu Asp Phe Glu Asp Ser Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro
            180                 185                 190
Glu Gly Ser Ser Ser Gly Glu Met Ser His Asp Ala Glu Met Arg Ala
        195                 200                 205

Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Glu Ala Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val
    210                 215                 220
Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly
225                 230                 235                 240
Arg Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn
                245                 250                 255
Asn His Leu Tyr Leu Arg Ile Gly Thr Thr Ala Asn Ser Asn Thr Tyr
            260                 265                 270

Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
        275                 280                 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
    290                 295                 300
Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val
305                 310                 315                 320
Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu
                325                 330                 335

Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr
            340                 345                 350
Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Phe Pro Pro Phe Pro Asn Asp
        355                 360                 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Val Val Thr Gly Lys
```

370 375 380

Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Val Ser Tyr Gln

405 410 415

Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Met Met Asn Pro Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln

435 440 445

Ser Thr Thr Thr Gly Asn Ser Leu Asn Gln Gly Thr Ala Thr Thr Thr

450 455 460

Tyr Gly Lys Ile Thr Thr Gly Asp Phe Ala Tyr Tyr Arg Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Ala Cys Ile Lys Gln Gln Lys Phe Ser Lys Asn Ala Asn

485 490 495

Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly Gly Asp Ala Leu Leu Lys Tyr

500 505 510

Asp Thr His Thr Thr Leu Asn Gly Arg Trp Ser Asn Met Ala Pro Gly

515 520 525

Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Ala Gly Asp Ser Asp Phe Ser Asn Ser

530 535 540

Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Asn Pro Ser Gly Asn Thr Thr Thr Ser

545 550 555 560

Ser Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu Glu Glu Ile Ala Thr Thr Asn

565 570 575

Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn

580 585 590

Ala Thr Thr Ala Pro His Ile Ala Asn Leu Asp Ala Met Gly Ile Val

595 600 605

Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile

610 615 620

Trp Ala Lys Val Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu
625 630 635 640
Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys
645 650 655

Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Asn Thr Thr Phe Ser Ala Ala Arg
660 665 670
Ile Asn Ser Phe Leu Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Gln
675 680 685
Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu His Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu
690 695 700
Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Thr Gln Asn Ser Met Leu Trp Ala
705 710 715 720

Pro Asp Asn Ala Gly Asn Tyr His Glu Leu Arg Ala Ile Gly Ser Arg
725 730 735
Phe Leu Thr His His Leu
740

<210> 960
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 960
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa ggcggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcag ccccctcagg tctgggacct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacggca cctcgggagg aagcaccaac gacaacacct attttggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcactttt caccacgtga ctggcaacga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aaaagactca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aagtcacgac gaacgaaggc accaagacca tcgccaataa tctcaccagc 1020

accgtgcagg tctttacgga ctcggagtac cagttaccgt acgtgctagg atccgctcac 1080

cagggatgtc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatgg ttcctcagta cggctattta 1140

actttaaaca atggaagcca agccctggga cgttcctcct tctactgtct ggagtatttc 1200

ccatcgcaga tgctgagaac cggcaacaac tttcagttca gctacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcctggaca ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtacc tgtactacct ggtcagaacg caaacgactg gaactggagg gacgcagact 1380

ctggcattca gccaagcggg tcctagctca atggccaacc aggctagaaa ttgggtgccc 1440

ggaccttgct accggcagca gcgcgtctcc acgacaacca accagaacaa caacagcaac 1500

tttgcctgga cgggagctgc caagtttaag ctgaacggcc gagactctct aatgaatccg 1560

ggcgtggcaa tggcttccca caaggatgac gacgaccgct tcttcccttc gagcggggtc 1620

ctgatttttg gcaagcaagg agccgggaac gatggagtgg attacagcca agtgctgatt 1680

acagatgagg aagaaatcaa ggctaccaac cccgtggcca cagaagaata tggagcagtg 1740

gccatcaaca accaggccgc caatacgcag gcgcagaccg gactcgtgca caaccagggg 1800

gtgattcccg gcatggtgtg gcagaataga gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccgtctcccc tgatgggcgg ctttggactg 1920

aagcacccgc ctcctcaaat tctcatcaag aacacaccgg ttccagcgga cccgccgctt 1980

accttcaacc aggccaagct gaactctttc atcacgcagt acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaatcg agtgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc agagattcaa 2100

tacacttcca actactacaa atctacaaat gtggactttg ctgtcaacac ggagggggtt 2160

tatagcgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gcaacctgta a 2211

<210> 961

<211> 2592

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 961

ctggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gatggaagtg 420

cagctccaag ccagtggtgg cggactggtg caggcaggag gcagcttgag gctcagctgt 480

gccgccagcg gcttcaagat cacccactac accatgggct ggttccggca ggcccctggc 540

aaggagaggg agttcgtgag caggattacc tggggtggtg acaacacctt ctacagcaac 600

agcgtgaagg gcaggttcac catcagcagg gacaacgcca agaacaccgt gtacctgcag 660

atgaacagcc tgaagcccga ggacaccgcc gactactact gtgcagccgg cagtaccagc 720

accgctaccc ccctgagggt ggactactgg ggcaaaggca ctcaggtgac agtgtcttca 780

ggaggggggtg gcagcgctcc tggaaagaaa cgtccggtag agcagtcgcc acaagagcca 840

gactcctcct cgggcatcgg caagacaggc cagcagcccg ctaaaaagag actcaatttt 900

ggtcagactg gcgactcaga gtcagtcccc gatccacaac ctctcggaga acctccagca 960

gccccctcag gtctgggacc taatacaatg gcttcaggcg gtggcgctcc aatggcagac 1020

aataacgaag gcgccgacgg agtgggtaat tcctcgggaa attggcattg cgattccaca 1080

tggctggggg acagagtcat caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac 1140

aaccacctct acaagcaaat ctccaacggc acctcgggag gaagcaccaa cgacaacacc 1200

tattttggct acagcacccc ctgggggtat tttgacttca acagattcca ctgtcacttt 1260

tcaccacgtg actggcaacg actcatcaac aacaattggg gattccggcc caaaagactc 1320

aacttcaagc tgttcaacat ccaggtcaag gaagtcacga cgaacgaagg caccaagacc 1380

atcgccaata atctcaccag caccgtgcag gtctttacgg actcggagta ccagttaccg 1440

tacgtgctag gatccgctca ccagggatgt ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg 1500

gttcctcagt acggctattt aactttaaac aatggaagcc aagccctggg acgttcctcc 1560

ttctactgtc tggagtattt cccatcgcag atgctgagaa ccggcaacaa ctttcagttc 1620

agctacacct tcgaggacgt gcctttccac agcagctacg cgcacagcca gagcctggac 1680

aggctgatga atcccctcat cgaccagtac ctgtactacc tggtcagaac gcaaacgact 1740

ggaactggag ggacgcagac tctggcattc agccaagcgg gtcctagctc aatggccaac 1800

caggctagaa attgggtgcc cggaccttgc taccggcagc agcgcgtctc cacgacaacc 1860

aaccagaaca acaacagcaa ctttgcctgg acgggagctg ccaagtttaa gctgaacggc 1920

cgagactctc taatgaatcc gggcgtggca atggcttccc acaaggatga cgacgaccgc 1980

ttcttccctt cgagcggggt cctgattttt ggcaagcaag gagccgggaa cgatggagtg 2040

gattacagcc aagtgctgat tacagatgag gaagaaatca aggctaccaa ccccgtggcc 2100

acagaagaat atggagcagt ggccatcaac aaccaggccg ccaatacgca ggcgcagacc 2160

ggactcgtgc acaaccaggg ggtgattccc ggcatggtgt ggcagaatag agacgtgtac 2220

ctgcagggtc ccatctgggc caaaattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctccc 2280

ctgatgggcg gctttggact gaagcacccg cctcctcaaa ttctcatcaa gaacacaccg 2340

gttccagcgg acccgccgct taccttcaac caggccaagc tgaactcttt catcacgcag 2400

tacagcaccg gacaggtcag cgtggaaatc gagtgggagc tgcagaaaga aaacagcaaa 2460

cgctggaatc cagagattca atacacttcc aactactaca aatctacaaa tgtggacttt 2520

gctgtcaaca cggagggggt ttatagcgag cctcgcccca ttggcacccg ttacctcacc 2580

cgcaacctgt aa 2592

<210> 962

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 962

ctggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gatggaggtg 420

cagctgcagg cttctggagg aggactggtg caggctggag ggagtctgag gctgtcttgc 480

agtgcctcag tgaggacttt ctccatctac gccatgggct ggtttaggca ggctcccggg 540

aaggagcgcg aattcgtggc cggaatcaac cggtctggcg acgtgaccaa gtacgctgat 600

ttcgtgaaag gccggtttag catttccaga gacaacgcca agaatatggt gtatctgcag 660

atgaactccc tgaaacctga agacacagct ctgtactatt gtgccgctac ttgggcctac 720

gataccgtgg gggctctgac atcaggatat aatttttggg gccaggggac ccaggtgaca 780

gtgagctccg gaggaggagg aagcgctcct ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca 840

caagagccag actcctcctc gggcatcggc aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga 900

ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa 960

cctccagcag ccccctcagg tctgggacct aatacaatgg cttcaggcgg tggcgctcca 1020

atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc 1080

gattccacat ggctggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg ggccctgccc 1140

acctacaaca accacctcta caagcaaatc tccaacggca cctcgggagg aagcaccaac 1200

gacaacacct attttggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac 1260

tgtcactttt caccacgtga ctggcaacga ctcatcaaca acaattgggg attccggccc 1320

aaaagactca acttcaagct gttcaacatc caggtcaagg aagtcacgac gaacgaaggc 1380

accaagacca tcgccaataa tctcaccagc accgtgcagg tctttacgga ctcggagtac 1440

cagttaccgt acgtgctagg atccgctcac cagggatgtc tgcctccgtt cccggcggac 1500

gtcttcatgg ttcctcagta cggctattta actttaaaca atggaagcca agccctggga 1560

cgttcctcct tctactgtct ggagtatttc ccatcgcaga tgctgagaac cggcaacaac 1620

tttcagttca gctacacctt cgaggacgtg cctttccaca gcagctacgc gcacagccag 1680

agcctggaca ggctgatgaa tcccctcatc gaccagtacc tgtactacct ggtcagaacg 1740

caaacgactg gaactggagg gacgcagact ctggcattca gccaagcggg tcctagctca 1800

atggccaacc aggctagaaa ttgggtgccc ggaccttgct accggcagca gcgcgtctcc 1860

acgacaacca accagaacaa caacagcaac tttgcctgga cgggagctgc caagtttaag 1920

ctgaacggcc gagactctct aatgaatccg ggcgtggcaa tggcttccca caaggatgac 1980

gacgaccgct tcttcccttc gagcggggtc ctgatttttg gcaagcaagg agccgggaac 2040

gatggagtgg attacagcca agtgctgatt acagatgagg aagaaatcaa ggctaccaac 2100

cccgtggcca cagaagaata tggagcagtg gccatcaaca accaggccgc caatacgcag 2160

gcgcagaccg gactcgtgca caaccagggg gtgattcccg gcatggtgtg gcagaataga 2220

gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc aaaattcctc acacggacgg caactttcac 2280

ccgtctcccc tgatgggcgg ctttggactg aagcacccgc ctcctcaaat tctcatcaag 2340

aacacaccgg ttccagcgga cccgccgctt accttcaacc aggccaagct gaactctttc 2400

atcacgcagt acagcaccgg acaggtcagc gtggaaatcg agtgggagct gcagaaagaa 2460

aacagcaaac gctggaatcc agagattcaa tacacttcca actactacaa atctacaaat 2520

gtggactttg ctgtcaacac ggaggggggtt tatagcgagc ctcgccccat tggcacccgt 2580

tacctcaccc gcaacctgta a 2601

<210> 963

<211> 2367

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 963

ctggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gatgccaagc 420

agtgtaatcg atgcgctgca gtacaagctg gagggcacca cgaggctgac caggaagagg 480

ggtctgaagc tggccacggc cctcagcctt agcaataagt tcgtagaggg cagccccagc 540

ggcggcggcg gcagcggcgg cggcggcagc gctcctggaa agaaacgtcc ggtagagcag 600

tcgccacaag agccagactc ctcctcgggc atcggcaaga caggccagca gcccgctaaa 660

aagagactca attttggtca gactggcgac tcagagtcag tccccgatcc acaacctctc 720

ggagaacctc cagcagcccc ctcaggtctg ggacctaata caatggcttc aggcggtggc 780

gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc gacggagtgg gtaattcctc gggaaattgg 840

cattgcgatt ccacatggct gggggacaga gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc 900

ctgcccacct acaacaacca cctctacaag caaatctcca acggcacctc gggaggaagc 960

accaacgaca acacctattt tggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga 1020

ttccactgtc acttttcacc acgtgactgg caacgactca tcaacaacaa ttggggattc 1080

cggcccaaaa gactcaactt caagctgttc aacatccagg tcaaggaagt cacgacgaac 1140

gaaggcacca agaccatcgc caataatctc accagcaccg tgcaggtctt tacggactcg 1200

gagtaccagt taccgtacgt gctaggatcc gctcaccagg gatgtctgcc tccgttcccg 1260

gcggacgtct tcatggttcc tcagtacggc tatttaactt taaacaatgg aagccaagcc 1320

ctgggacgtt cctccttcta ctgtctggag tatttcccat cgcagatgct gagaaccggc 1380

aacaactttc agttcagcta caccttcgag gacgtgcctt tccacagcag ctacgcgcac 1440

agccagagcc tggacaggct gatgaatccc ctcatcgacc agtacctgta ctacctggtc 1500

agaacgcaaa cgactggaac tggagggacg cagactctgg cattcagcca agcgggtcct 1560

agctcaatgg ccaaccaggc tagaaattgg gtgcccggac cttgctaccg gcagcagcgc 1620

gtctccacga caaccaacca gaacaacaac agcaactttg cctggacggg agctgccaag 1680

tttaagctga acggccgaga ctctctaatg aatccgggcg tggcaatggc ttcccacaag 1740

gatgacgacg accgcttctt cccttcgagc ggggtcctga tttttggcaa gcaaggagcc 1800

gggaacgatg gagtggatta cagccaagtg ctgattacag atgaggaaga aatcaaggct 1860

accaaccccg tggccacaga agaatatgga gcagtggcca tcaacaacca ggccgccaat 1920

acgcaggcgc agaccggact cgtgcacaac caggggggtga ttcccggcat ggtgtggcag 1980

aatagagacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 2040

tttcacccgt ctcccctgat gggcggcttt ggactgaagc acccgcctcc tcaaattctc 2100

atcaagaaca caccggttcc agcggacccg ccgcttacct tcaaccaggc caagctgaac 2160

tctttcatca cgcagtacag caccggacag gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag 2220

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcaataca cttccaacta ctacaaatct 2280

acaaatgtgg actttgctgt caacacggag ggggtttata gcgagcctcg ccccattggc 2340

acccgttacc tcacccgcaa cctgtaa 2367

<210> 964

<211> 2328

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 964

ctggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gatgtatacc 420

atctggatgc ccgagaaccc caggcccggt acccccctgcg acatcttcac caacagcagg 480

ggcaagcgag ccagcaacgg cggcggcggc ggcagcggcg gcggcggcag cgctcctgga 540

aagaaacgtc cggtagagca gtcgccacaa gagccagact cctcctcggg catcggcaag 600

acaggccagc agcccgctaa aaagagactc aattttggtc agactggcga ctcagagtca 660

gtccccgatc cacaacctct cggagaacct ccagcagccc cctcaggtct gggacctaat 720

acaatggctt caggcggtgg cgctccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 780

ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggggacag agtcatcacc 840

accagcaccc gaacctgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc 900

aacggcacct cgggaggaag caccaacgac aacacctatt ttggctacag caccccctgg 960

gggtattttg acttcaacag attccactgt cacttttcac cacgtgactg gcaacgactc 1020

atcaacaaca attggggatt ccggcccaaa agactcaact tcaagctgtt caacatccag 1080

gtcaaggaag tcacgacgaa cgaaggcacc aagaccatcg ccaataatct caccagcacc 1140

gtgcaggtct ttacggactc ggagtaccag ttaccgtacg tgctaggatc cgctcaccag 1200

ggatgtctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatggttc ctcagtacgg ctatttaact 1260

ttaaacaatg gaagccaagc cctgggacgt tcctccttct actgtctgga gtatttccca 1320

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttt cagttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1380

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggacaggc tgatgaatcc cctcatcgac 1440

cagtacctgt actacctggt cagaacgcaa acgactggaa ctggagggac gcagactctg 1500

gcattcagcc aagcgggtcc tagctcaatg gccaaccagg ctagaaattg ggtgcccgga 1560

ccttgctacc ggcagcagcg cgtctccacg acaaccaacc agaacaacaa cagcaacttt 1620

gcctggacgg gagctgccaa gtttaagctg aacggccgag actctctaat gaatccgggc 1680

gtggcaatgg cttcccacaa ggatgacgac gaccgcttct tcccttcgag cggggtcctg 1740

atttttggca agcaaggagc cgggaacgat ggagtggatt acagccaagt gctgattaca 1800

gatgaggaag aaatcaaggc taccaacccc gtggccacag aagaatatgg agcagtggcc 1860

atcaacaacc aggccgccaa tacgcaggcg cagaccggac tcgtgcacaa ccaggggggtg 1920

attcccggca tggtgtggca gaatagagac gtgtacctgc agggtcccat ctgggccaaa 1980

attcctcaca cggacggcaa ctttcacccg tctcccctga tgggcggctt tggactgaag 2040

cacccgcctc ctcaaattct catcaagaac acaccggttc cagcggaccc gccgcttacc 2100

ttcaaccagg ccaagctgaa ctctttcatc acgcagtaca gcaccggaca ggtcagcgtg 2160

gaaatcgagt gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatccaga gattcaatac 2220

acttccaact actacaaatc tacaaatgtg gactttgctg tcaacacgga gggggtttat 2280

agcgagcctc gccccattgg cacccgttac ctcacccgca acctgtaa 2328

<210> 965

<211> 2298

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 965

ctggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gatgaccttc 420

ttctacggcg gcagcagggg caagaggaac aacttcaaga ccgaggagta cggcggcggc 480

ggcagcggcg gcggcggcag cgctcctgga aagaaacgtc cggtagagca gtcgccacaa 540

gagccagact cctcctcggg catcggcaag acaggccagc agcccgctaa aaagagactc 600

aattttggtc agactggcga ctcagagtca gtccccgatc cacaacctct cggagaacct 660

ccagcagccc cctcaggtct gggacctaat acaatggctt caggcggtgg cgctccaatg 720

gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat 780

tccacatggc tgggggacag agtcatcacc accagcaccc gaacctgggc cctgcccacc 840

tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc aacggcacct cgggaggaag caccaacgac 900

aacacctatt ttggctacag caccccctgg gggtattttg acttcaacag attccactgt 960

cacttttcac cacgtgactg gcaacgactc atcaacaaca attggggatt ccggcccaaa 1020

agactcaact tcaagctgtt caacatccag gtcaaggaag tcacgacgaa cgaaggcacc 1080

aagaccatcg ccaataatct caccagcacc gtgcaggtct ttacggactc ggagtaccag 1140

ttaccgtacg tgctaggatc cgctcaccag ggatgtctgc ctccgttccc ggcggacgtc 1200

ttcatggttc ctcagtacgg ctatttaact ttaaacaatg gaagccaagc cctgggacgt 1260

tcctccttct actgtctgga gtatttccca tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttt 1320

cagttcagct acaccttcga ggacgtgcct ttccacagca gctacgcgca cagccagagc 1380

ctggacaggc tgatgaatcc cctcatcgac cagtacctgt actacctggt cagaacgcaa 1440

acgactggaa ctggagggac gcagactctg gcattcagcc aagcgggtcc tagctcaatg 1500

gccaaccagg ctagaaattg ggtgcccgga ccttgctacc ggcagcagcg cgtctccacg 1560

acaaccaacc agaacaacaa cagcaacttt gcctggacgg gagctgccaa gtttaagctg 1620

aacggccgag actctctaat gaatccgggc gtggcaatgg cttcccacaa ggatgacgac 1680

gaccgcttct tcccttcgag cggggtcctg atttttggca agcaaggagc cgggaacgat 1740

ggagtggatt acagccaagt gctgattaca gatgaggaag aaatcaaggc taccaacccc 1800

gtggccacag aagaatatgg agcagtggcc atcaacaacc aggccgccaa tacgcaggcg 1860

cagaccggac tcgtgcacaa ccaggggggtg attcccggca tggtgtggca gaatagagac 1920

gtgtacctgc agggtcccat ctgggccaaa attcctcaca cggacggcaa ctttcacccg 1980

tctcccctga tgggcggctt tggactgaag cacccgcctc ctcaaattct catcaagaac 2040

acaccggttc cagcggaccc gccgcttacc ttcaaccagg ccaagctgaa ctctttcatc 2100

acgcagtaca gcaccggaca ggtcagcgtg gaaatcgagt gggagctgca gaaagaaaac 2160

agcaaacgct ggaatccaga gattcaatac acttccaact actacaaatc tacaaatgtg 2220

gactttgctg tcaacacgga gggggtttat agcgagcctc gccccattgg cacccgttac 2280

ctcacccgca acctgtaa 2298

<210> 966

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 966

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa ggcggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca actacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacgatt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacga agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccataaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 967
<211> 2277
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 967

ctggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gatgaacaac 420
cagaagatcg tgaacctgaa ggagaaggtg gcccagctgg aggccggcgg cggcggcagc 480
gctcctggaa agaagaggcc tgtagagcag tctcctcagg aaccggactc ctccgcgggt 540

attggcaaat cgggtgcaca gcccgctaaa aagagactca atttcggtca gactggcgac 600
acagagtcag tcccagaccc tcaaccaatc ggagaacctc ccgcagcccc ctcaggtgtg 660
ggatctctta caatggcttc aggtggtggc gcaccagtgg cagacaataa cgaaggtgcc 720

gatggagtgg gtagttcctc gggaaattgg cattgcgatt cccaatggct gggggacaga 780

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaatca cctctacaag 840

caaatctcca acagcacatc tggaggatct tcaaatgaca acgcctactt cggctacagc 900

acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 960

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcctaagc gactcaactt caagctcttc 1020

aacattcagg tcaaagaggt tacggacaac aatggagtca agaccatcgc caataacctt 1080

accagcacgg tccaggtctt cacggactca gactatcagc tcccgtacgt gctcgggtcg 1140

gctcacgagg gctgcctccc gccgttccca gcggacgttt tcatgattcc tcagtacggg 1200

tatctgacgc ttaatgatgg aagccaggcc gtgggtcgtt cgtcctttta ctgcctggaa 1260

tatttcccgt cgcaaatgct aagaacgggt aacaacttcc agttcaacta cgagtttgag 1320

aacgtacctt tccatagcag ctacgctcac agccaaagcc tggaccgact aatgaatcca 1380

ctcatcgacc aatacttgta ctatctctca aagactatta acgattctgg acagaatcaa 1440

caaacgctaa aattcagtgt ggccggaccc agcaacatgg ctgtccaggg aagaaactac 1500

atacctggac ccagctaccg acaacaacgt gtctcaacca ctgtgactca aaacaacaac 1560

agcgaatttg cttggcctgg agcttcttct tgggctctca atggacgtaa tagcttgatg 1620

aatcctggac ctgctatggc cagccacaaa gaaggagagg accgtttctt tcctttgtct 1680

ggatctttaa tttttggcaa acaaggaact ggaagagaca acgtggatgc ggacgaagtc 1740

atgataacca acgaagaaga aattaaaact actaacccgg tagcaacgga gtcctatgga 1800

caagtggcca taaaccacca gagtgcccaa gcacaggcgc agaccggctg ggttcaaaac 1860

caaggaatac ttccgggtat ggtttggcag gacagagatg tgtacctgca aggacccatt 1920

tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac tttcaccctt ctccgctgat gggagggttt 1980

ggaatgaagc acccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca cacctgtacc tgcggatcct 2040

ccaacggcct tcaacaagga caagctgaac tctttcatca cccagtattc tactggccaa 2100

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaacccggag 2160

atccagtaca cttccaacta ttacaagtct aataatgttg aatttgctgt taatactgaa 2220

ggtgtatata gtgaaccccg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2277

<210> 968

<211> 2313

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 968

ctggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gatgtatacc 420

atctggatgc ccgagaaccc caggcccggt acccccctgcg acatcttcac caacagcagg 480

ggcaagcgag ccagcaacgg cggcggcggc ggcagcgctc ctggaaagaa gaggcctgta 540

gagcagtctc ctcaggaacc ggactcctcc gcgggtattg gcaaatcggg tgcacagccc 600

gctaaaaaga gactcaattt cggtcagact ggcgacacag agtcagtccc agaccctcaa 660

ccaatcggag aacctcccgc agccccctca ggtgtgggat ctcttacaat ggcttcaggt 720

ggtggcgcac cagtggcaga caataacgaa ggtgccgatg gagtgggtag ttcctcggga 780

aattggcatt gcgattccca atggctgggg gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc 840

tgggccctgc ccacctacaa caatcacctc tacaagcaaa tctccaacag cacatctgga 900

ggatcttcaa atgacaacgc ctacttcggc tacagcaccc cctgggggta ttttgacttc 960

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1020

ggattccggc ctaagcgact caacttcaag ctcttcaaca ttcaggtcaa agaggttacg 1080

gacaacaatg gagtcaagac catcgccaat aaccttacca gcacggtcca ggtcttcacg 1140

gactcagact atcagctccc gtacgtgctc gggtcggctc acgagggctg cctcccgccg 1200

ttcccagcgg acgttttcat gattcctcag tacgggtatc tgacgcttaa tgatggaagc 1260

caggccgtgg gtcgttcgtc cttttactgc ctggaatatt tcccgtcgca aatgctaaga 1320

acgggtaaca acttccagtt caactacgag tttgagaacg tacctttcca tagcagctac 1380

gctcacagcc aaagcctgga ccgactaatg aatccactca tcgaccaata cttgtactat 1440

ctctcaaaga ctattaacga ttctggacag aatcaacaaa cgctaaaatt cagtgtggcc 1500

ggacccagca acatggctgt ccagggaaga aactacatac ctggacccag ctaccgacaa 1560

caacgtgtct caaccactgt gactcaaaac aacaacagcg aatttgcttg gcctggagct 1620

tcttcttggg ctctcaatgg acgtaatagc ttgatgaatc ctggacctgc tatggccagc 1680

cacaaagaag gagaggaccg tttctttcct ttgtctggat ctttaatttt tggcaaacaa 1740

ggaactggaa gagacaacgt ggatgcggac gaagtcatga taaccaacga agaagaaatt 1800

aaaactacta acccggtagc aacggagtcc tatggacaag tggccataaa ccaccagagt 1860

gcccaagcac aggcgcagac cggctgggtt caaaaccaag gaatacttcc gggtatggtt 1920

tggcaggaca gagatgtgta cctgcaagga cccatttggg ccaaaattcc tcacacggac 1980

ggcaactttc acccttctcc gctgatggga gggtttggaa tgaagcaccc gcctcctcag 2040

atcctcatca aaaacacacc tgtacctgcg gatcctccaa cggccttcaa caaggacaag 2100

ctgaactctt tcatcaccca gtattctact ggccaagtca gcgtggagat cgagtgggag 2160

ctgcagaagg aaaacagcaa gcgctggaac ccggagatcc agtacacttc caactattac 2220

aagtctaata atgttgaatt tgctgttaat actgaaggtg tatatagtga accccgcccc 2280

attggcacca gatacctgac tcgtaatctg taa 2313

<210> 969

<211> 2283

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 969

ctggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gatgaccttc 420

ttctacggcg gcagcagggg caagaggaac aacttcaaga ccgaggagta cggcggcggc 480

ggcagcgctc ctggaaagaa gaggcctgta gagcagtctc ctcaggaacc ggactcctcc 540

gcgggtattg gcaaatcggg tgcacagccc gctaaaaaga gactcaattt cggtcagact 600

ggcgacacag agtcagtccc agaccctcaa ccaatcggag aacctcccgc agccccctca 660

ggtgtgggat ctcttacaat ggcttcaggt ggtggcgcac cagtggcaga caataacgaa 720

ggtgccgatg gagtgggtag ttcctcggga aattggcatt gcgattccca atggctgggg 780

gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc tgggccctgc ccacctacaa caatcacctc 840

tacaagcaaa tctccaacag cacatctgga ggatcttcaa atgacaacgc ctacttcggc 900

tacagcaccc cctgggggta ttttgacttc aacagattcc actgccactt ctcaccacgt 960

gactggcagc gactcatcaa caacaactgg ggattccggc ctaagcgact caacttcaag 1020

ctcttcaaca ttcaggtcaa agaggttacg gacaacaatg gagtcaagac catcgccaat 1080

aaccttacca gcacggtcca ggtcttcacg gactcagact atcagctccc gtacgtgctc 1140

gggtcggctc acgagggctg cctcccgccg ttcccagcgg acgttttcat gattcctcag 1200

tacgggtatc tgacgcttaa tgatggaagc caggccgtgg gtcgttcgtc cttttactgc 1260

ctggaatatt tcccgtcgca aatgctaaga acgggtaaca acttccagtt caactacgag 1320

tttgagaacg tacctttcca tagcagctac gctcacagcc aaagcctgga ccgactaatg 1380

aatccactca tcgaccaata cttgtactat ctctcaaaga ctattaacga ttctggacag 1440

aatcaacaaa cgctaaaatt cagtgtggcc ggacccagca acatggctgt ccagggaaga 1500

aactacatac ctggacccag ctaccgacaa caacgtgtct caaccactgt gactcaaaac 1560

aacaacagcg aatttgcttg gcctggagct tcttcttggg ctctcaatgg acgtaatagc 1620

ttgatgaatc ctggacctgc tatggccagc cacaaagaag gagaggaccg tttctttcct 1680

ttgtctggat ctttaatttt tggcaaacaa ggaactggaa gagacaacgt ggatgcggac 1740

gaagtcatga taaccaacga agaagaaatt aaaactacta acccggtagc aacggagtcc 1800

tatggacaag tggccataaa ccaccagagt gcccaagcac aggcgcagac cggctgggtt 1860

caaaaccaag gaatacttcc gggtatggtt tggcaggaca gagatgtgta cctgcaagga 1920

cccatttggg ccaaaattcc tcacacggac ggcaactttc acccttctcc gctgatggga 1980

gggtttggaa tgaagcaccc gcctcctcag atcctcatca aaaacacacc tgtacctgcg 2040

gatcctccaa cggccttcaa caaggacaag ctgaactctt tcatcaccca gtattctact 2100

ggccaagtca gcgtggagat cgagtgggag ctgcagaagg aaaacagcaa gcgctggaac 2160

ccggagatcc agtacacttc caactattac aagtctaata atgttgaatt tgctgttaat 2220

actgaaggtg tatatagtga accccgcccc attggcacca gatacctgac tcgtaatctg 2280

taa 2283

<210> 970

<211> 2283

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 970

ctggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gatggcagct 420

gcggccgccg cggctgcagc ggctgcagcc gccgcagctg cggctgcagc gggcggcggc 480

ggcagcgctc ctggaaagaa gaggcctgta gagcagtctc ctcaggaacc ggactcctcc 540

gcgggtattg gcaaatcggg tgcacagccc gctaaaaaga gactcaattt cggtcagact 600

ggcgacacag agtcagtccc agaccctcaa ccaatcggag aacctcccgc agccccctca 660

ggtgtgggat ctcttacaat ggcttcaggt ggtggcgcac cagtggcaga caataacgaa 720

ggtgccgatg gagtgggtag ttcctcggga aattggcatt gcgattccca atggctgggg 780

gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc tgggccctgc ccacctacaa caatcacctc 840

tacaagcaaa tctccaacag cacatctgga ggatcttcaa atgacaacgc ctacttcggc 900

tacagcaccc cctgggggta ttttgacttc aacagattcc actgccactt ctcaccacgt 960

gactggcagc gactcatcaa caacaactgg ggattccggc ctaagcgact caacttcaag 1020

ctcttcaaca ttcaggtcaa agaggttacg gacaacaatg gagtcaagac catcgccaat 1080

aaccttacca gcacggtcca ggtcttcacg gactcagact atcagctccc gtacgtgctc 1140

gggtcggctc acgagggctg cctcccgccg ttcccagcgg acgttttcat gattcctcag 1200

tacgggtatc tgacgcttaa tgatggaagc caggccgtgg gtcgttcgtc cttttactgc 1260

ctggaatatt tcccgtcgca aatgctaaga acgggtaaca acttccagtt caactacgag 1320

tttgagaacg tacctttcca tagcagctac gctcacagcc aaagcctgga ccgactaatg 1380

aatccactca tcgaccaata cttgtactat ctctcaaaga ctattaacga ttctggacag 1440

aatcaacaaa cgctaaaatt cagtgtggcc ggacccagca acatggctgt ccagggaaga 1500

aactacatac ctggacccag ctaccgacaa caacgtgtct caaccactgt gactcaaaac 1560

aacaacagcg aatttgcttg gcctggagct tcttcttggg ctctcaatgg acgtaatagc 1620

ttgatgaatc ctggacctgc tatggccagc cacaaagaag gagaggaccg tttctttcct 1680

ttgtctggat ctttaatttt tggcaaacaa ggaactggaa gagacaacgt ggatgcggac 1740

gaagtcatga taaccaacga agaagaaatt aaaactacta acccggtagc aacggagtcc 1800

tatggacaag tggccataaa ccaccagagt gcccaagcac aggcgcagac cggctgggtt 1860

caaaaccaag gaatacttcc gggtatggtt tggcaggaca gagatgtgta cctgcaagga 1920

cccatttggg ccaaaattcc tcacacggac ggcaactttc acccttctcc gctgatggga 1980

gggtttggaa tgaagcaccc gcctcctcag atcctcatca aaaacacacc tgtacctgcg 2040

gatcctccaa cggccttcaa caaggacaag ctgaactctt tcatcaccca gtattctact 2100

ggccaagtca gcgtggagat cgagtgggag ctgcagaagg aaaacagcaa gcgctggaac 2160

ccggagatcc agtacacttc caactattac aagtctaata atgttgaatt tgctgttaat 2220

actgaaggtg tatatagtga accccgcccc attggcacca gatacctgac tcgtaatctg 2280

taa 2283

<210> 971

<211> 726

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 971

Met Glu Val Gln Leu Gln Ala Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Ala Gly
1 5 10 15

Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Lys Ile Thr His
20 25 30

Tyr Thr Met Gly Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Lys Glu Arg Glu Phe
35 40 45

Val Ser Arg Ile Thr Trp Gly Gly Asp Asn Thr Phe Tyr Ser Asn Ser
50 55 60

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Val
65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Asp Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Ala Gly Ser Thr Ser Thr Ala Thr Pro Leu Arg Val Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Lys Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp
130 135 140
Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg
145 150 155 160
Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln
165 170 175
Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr
180 185 190

Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro
225 230 235 240
Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly
245 250 255

Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn
290 295 300
Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly
305 310 315 320

Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr
325 330 335
Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly

340 345 350

Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe

370 375 380

Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn

385 390 395 400

Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr

405 410 415

Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln

420 425 430

Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr

435 440 445

Gln Thr Leu Ala Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln

450 455 460

Ala Arg Asn Trp Val Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser

465 470 475 480

Thr Thr Thr Asn Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala

485 490 495

Ala Lys Phe Lys Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val

500 505 510

Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser

515 520 525

Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp

530 535 540

Tyr Ser Gln Val Leu Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn

545 550 555 560

Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala

565 570 575

Ala Asn Thr Gln Ala Gln Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile

580 585 590

Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile
595 600 605
Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu
610 615 620
Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys
625 630 635 640

Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys
645 650 655
Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu
660 665 670
Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu
675 680 685
Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala
690 695 700

Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg
705 710 715 720
Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 972
<211> 729
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 972
Met Glu Val Gln Leu Gln Ala Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Ala Gly
1 5 10 15
Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Val Arg Thr Phe Ser Ile

20 25 30
Tyr Ala Met Gly Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Lys Glu Arg Glu Phe
35 40 45

Val Ala Gly Ile Asn Arg Ser Gly Asp Val Thr Lys Tyr Ala Asp Phe
50 55 60
Val Lys Gly Arg Phe Ser Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Met Val
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr

85 90 95
Cys Ala Ala Thr Trp Ala Tyr Asp Thr Val Gly Ala Leu Thr Ser Gly
100 105 110
Tyr Asn Phe Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125
Gly Gly Ser Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln
130 135 140
Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala

145 150 155 160
Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro
165 170 175
Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly
180 185 190
Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn
195 200 205
Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp

210 215 220
Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp
225 230 235 240
Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly
245 250 255
Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr
260 265 270
Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro

275 280 285
Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys

290 295 300

Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr

305 310 315 320

Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln

325 330 335

Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala

340 345 350

His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Val Pro

355 360 365

Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg

370 375 380

Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr

435 440 445

Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met

450 455 460

Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe

515 520 525

Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp

530 535 540

Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560
Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn
565 570 575
Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln Thr Gly Leu Val His Asn Gln
580 585 590
Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln

595 600 605
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640
Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn
645 650 655
Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670
Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val
690 695 700
Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720
Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 973
<211> 651
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 973

Met Pro Ser Ser Val Ile Asp Ala Leu Gln Tyr Lys Leu Glu Gly Thr
1 5 10 15
Thr Arg Leu Thr Arg Lys Arg Gly Leu Lys Leu Ala Thr Ala Leu Ser
20 25 30
Leu Ser Asn Lys Phe Val Glu Gly Ser Pro Ser Gly Gly Gly Gly Ser
35 40 45

Gly Gly Gly Gly Ser Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Val Glu Gln Ser
50 55 60
Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Thr Gly Gln Gln
65 70 75 80
Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser
85 90 95
Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser Gly
100 105 110

Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp
115 120 125
Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His
130 135 140
Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg
145 150 155 160
Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser
165 170 175

Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr
180 185 190
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
195 200 205
Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
210 215 220
Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
225 230 235 240

Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

245 250 255

Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

260 265 270

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

275 280 285

Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Leu

290 295 300

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

305 310 315 320

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro

325 330 335

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

340 345 350

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val Arg Thr Gln Thr Thr

355 360 365

Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser

370 375 380

Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

385 390 395 400

Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

405 410 415

Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu

420 425 430

Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Asp Asp Arg

435 440 445

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly

450 455 460

Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile Thr Asp Glu Glu Glu

465 470 475 480

Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ala Val Ala

485 490 495

Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln Thr Gly Leu Val His
500 505 510

Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
515 520 525

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe
530 535 540

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
545 550 555 560

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Leu Thr
565 570 575

Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
580 585 590

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
595 600 605

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr
610 615 620

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
625 630 635 640

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
645 650

<210> 974

<211> 638

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 974

Met Tyr Thr Ile Trp Met Pro Glu Asn Pro Arg Pro Gly Thr Pro Cys
1 5 10 15

Asp Ile Phe Thr Asn Ser Arg Gly Lys Arg Ala Ser Asn Gly Gly Gly
20 25 30

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Val
35 40 45
Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Thr
50 55 60
Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp
65 70 75 80

Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala
85 90 95
Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala Pro
100 105 110
Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly
115 120 125
Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr
130 135 140

Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys
145 150 155 160
Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr
165 170 175
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
180 185 190
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
195 200 205

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
210 215 220
Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
225 230 235 240
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
245 250 255
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
260 265 270

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

275 280 285

Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

290 295 300

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

305 310 315 320

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

325 330 335

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val Arg Thr

340 345 350

Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser Gln Ala

355 360 365

Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro Gly Pro

370 375 380

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn Asn Asn

385 390 395 400

Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn Gly Arg

405 410 415

Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp

420 425 430

Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln

435 440 445

Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile Thr Asp

450 455 460

Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly

465 470 475 480

Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln Thr Gly

485 490 495

Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

500 505 510

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

515 520 525

Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
530 535 540

Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro
545 550 555 560

Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
565 570 575

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
580 585 590

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr
595 600 605

Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser
610 615 620

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
625 630 635

<210> 975

<211> 628

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 975

Met Thr Phe Phe Tyr Gly Gly Ser Arg Gly Lys Arg Asn Asn Phe Lys
1 5 10 15

Thr Glu Glu Tyr Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Pro
20 25 30

Gly Lys Lys Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser
35 40 45

Ser Gly Ile Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn
50 55 60

Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu
65 70 75 80

Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala
85 90 95
Ser Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly
100 105 110
Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly
115 120 125

Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr
130 135 140
Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser
145 150 155 160
Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe
165 170 175
Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg
180 185 190

Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys
195 200 205
Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys
210 215 220
Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser
225 230 235 240
Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu
245 250 255

Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu
260 265 270
Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys
275 280 285
Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln
290 295 300
Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His
305 310 315 320

Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu

325 330 335

Tyr Tyr Leu Val Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr

340 345 350

Leu Ala Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg

355 360 365

Asn Trp Val Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr

370 375 380

Thr Asn Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys

385 390 395 400

Phe Lys Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met

405 410 415

Ala Ser His Lys Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val

420 425 430

Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser

435 440 445

Gln Val Leu Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val

450 455 460

Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn

465 470 475 480

Thr Gln Ala Gln Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly

485 490 495

Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala

500 505 510

Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly

515 520 525

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr

530 535 540

Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn

545 550 555 560

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu

565 570 575

Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
580 585 590
Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn
595 600 605
Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
610 615 620
Thr Arg Asn Leu
625

<210> 976
<211> 621
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 976
Met Asn Asn Gln Lys Ile Val Asn Leu Lys Glu Lys Val Ala Gln Leu
1 5 10 15
Glu Ala Gly Gly Gly Gly Ser Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Val Glu
20 25 30
Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly Lys Ser Gly
35 40 45
Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Thr

50 55 60
Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro
65 70 75 80
Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala Pro Val
85 90 95
Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn
100 105 110
Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser

115 120 125

Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln
130 135 140
Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Ala Tyr Phe
145 150 155 160
Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys
165 170 175
His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly

180 185 190
Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys
195 200 205
Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr
210 215 220
Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val
225 230 235 240
Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val

245 250 255
Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser Gln
260 265 270
Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln
275 280 285
Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Asn Tyr Glu Phe Glu Asn
290 295 300
Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu

305 310 315 320
Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr Ile
325 330 335
Asn Asp Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly
340 345 350
Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro Ser
355 360 365
Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser

370 375 380

Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg Asn

385 390 395 400

Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly Glu

405 410 415

Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly

420 425 430

Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Glu Val Met Ile Thr Asn Glu

435 440 445

Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly Gln

450 455 460

Val Ala Ile Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp

465 470 475 480

Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp

485 490 495

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly

500 505 510

Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro

515 520 525

Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro

530 535 540

Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

545 550 555 560

Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn

565 570 575

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys

580 585 590

Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu

595 600 605

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

610 615 620

<210> 977

<211> 633

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221

> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 977

Met Tyr Thr Ile Trp Met Pro Glu Asn Pro Arg Pro Gly Thr Pro Cys

1 5 10 15

Asp Ile Phe Thr Asn Ser Arg Gly Lys Arg Ala Ser Asn Gly Gly Gly

20 25 30

Gly Gly Ser Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln

35 40 45

Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala

50 55 60

Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro

65 70 75 80

Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly

85 90 95

Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn

100 105 110

Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp

115 120 125

Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp

130 135 140

Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser

145 150 155 160

Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr

165 170 175

Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro

180 185 190

Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys
195 200 205
Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Asp
210 215 220
Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln
225 230 235 240
Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala

245 250 255
His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro
260 265 270
Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg
275 280 285
Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
290 295 300
Gly Asn Asn Phe Gln Phe Asn Tyr Glu Phe Glu Asn Val Pro Phe His

305 310 315 320
Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
325 330 335
Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr Ile Asn Asp Ser Gly
340 345 350
Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met
355 360 365
Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln

370 375 380
Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp
385 390 395 400
Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn
405 410 415
Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe
420 425 430
Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp

435 440 445

Asn Val Asp Ala Asp Glu Val Met Ile Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys

450 455 460

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly Gln Val Ala Ile Asn

465 470 475 480

His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln

485 490 495

Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln

500 505 510

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro

515 520 525

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile

530 535 540

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn

545 550 555 560

Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

565 570 575

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp

580 585 590

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val

595 600 605

Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile

610 615 620

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

625 630

<210> 978

<211> 623

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 978

Met Thr Phe Phe Tyr Gly Gly Ser Arg Gly Lys Arg Asn Asn Phe Lys
1 5 10 15

Thr Glu Glu Tyr Gly Gly Gly Gly Ser Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
20 25 30

Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly Lys
35 40 45

Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly
50 55 60

Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala
65 70 75 80

Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala
85 90 95

Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser
100 105 110

Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr
115 120 125

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr
130 135 140

Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Ala
145 150 155 160

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
165 170 175

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
180 185 190

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
195 200 205

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
210 215 220

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
225 230 235 240

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
245 250 255

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly
260 265 270

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
275 280 285

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Asn Tyr Glu Phe
290 295 300

Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
305 310 315 320

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys
325 330 335

Thr Ile Asn Asp Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val
340 345 350

Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly
355 360 365

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn
370 375 380

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly
385 390 395 400

Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu
405 410 415

Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys
420 425 430

Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Glu Val Met Ile Thr
435 440 445

Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr
450 455 460

Gly Gln Val Ala Ile Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr
465 470 475 480

Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

485 490 495

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
500 505 510
Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys
515 520 525
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp
530 535 540
Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln
545 550 555 560

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
565 570 575
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
580 585 590
Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr
595 600 605
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
610 615 620

<210> 979
<211> 623
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 979
Met Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala
1 5 10 15
Ala Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Ser Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
20 25 30
Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly Lys
35 40 45

Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly
50 55 60
Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala
65 70 75 80
Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala
85 90 95
Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser
100 105 110

Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr
115 120 125
Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr
130 135 140
Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Ala
145 150 155 160
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
165 170 175

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
180 185 190
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
195 200 205
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
210 215 220
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
225 230 235 240

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
245 250 255
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly
260 265 270
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
275 280 285
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Asn Tyr Glu Phe

290 295 300

Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
305 310 315 320
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys
325 330 335
Thr Ile Asn Asp Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val
340 345 350
Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly
355 360 365

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn
370 375 380
Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly
385 390 395 400
Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu
405 410 415
Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys
420 425 430

Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Glu Val Met Ile Thr
435 440 445
Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr
450 455 460
Gly Gln Val Ala Ile Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr
465 470 475 480
Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
485 490 495

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
500 505 510
Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys
515 520 525
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp
530 535 540

Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln
545 550 555 560

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
565 570 575
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
580 585 590
Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr
595 600 605
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
610 615 620

<210> 980
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 980
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgtcgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540
tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600
aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacggca cctcgggagg aagcaccaac gacaacacct attttggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcca aaaagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acgattcagg tatttacgga ctcggaatac cagctgccat acgtcctcgg ctccgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctt 1140

acactgaaca atggaagtca agccgtaggc cgttcctcct tctactgcct ggaatatttt 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctaccagtt tgaggacgtg 1260

ccttttcaca gcagctacgc gcacagccaa agcctggacc ggctgatgaa ccccctcatc 1320

gaccagtacc tgtactacct gtctcggact cagtccacgg gaggtaccgc aagaactcag 1380

cagttgctat tttctcaggc cgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactctgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccatctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctacagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 981

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 981

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg acggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccagtaga gcagtcaccc caagaaccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaggac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaaa gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa cacggagggg 2160

gtttatagcg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgcaacct gtaa 2214

<210> 982

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (715)..(715)

<223> a, c, t, or g

<400> 982

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagagg ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagantcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atattttcca 1200

tctcaaatgc tgcgaactgg aaacaatttt gaattcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcaca cagccagagc ttggaccgac tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac gaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

accttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct acagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca attactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccgccccat tggcacgcgt ttcctcaccc gtaatctgta a 2211

<210> 983

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 983

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagagg ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgtactagg atccgctcac 1080

cagggatgtc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatatttt 1200

ccatctcaga tgctgagaac gggcaataac tttaccttca gctacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctatgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctaatggg aggatttgga 1920

ctgaagcacc cacctcctca gatcctgatc aagaacacgc cggtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgtactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

caatacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 984

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 984

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Val Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Arg Thr Gln Gln Leu Leu Phe
450 455 460

Ser Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Ser Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 985

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 985

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Asp Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 986

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (239)..(239)

<223> Any naturally occurring amino acid

<400> 986

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Xaa Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Thr Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Phe Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 987

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 987

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590
Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Tyr Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 988

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 988

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt cgacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag gttccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaaa agactcaact tcaagctgtt caacatccag 960

gtcaaggaag tcacgacgaa cgaaggcacc aagaccatcg ccaataatct caccagcacc 1020

gtgcaggtct ttacggactc ggagtaccag ttaccgtacg tgctaggatc cgctcaccag 1080

ggatgtctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatggttc ctcagtacgg ctatttaact 1140

ttaaacaatg gaagccaagc cctgggacgt tcctccttct actgtctgga gtatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt acctttagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggacaggc tgatgaatcc cctcatcgac 1320

cagtacctgt actacctggt cagaacgcaa acgactggaa ctggagggac gcagactctg 1380

gcattcagcc aagcgggtcc tagctcaatg gccaaccagg ctagaaattg ggtgcccgga 1440

ccttgctacc ggcagcagcg cgtctccacg acaaccaacc agaacaacaa cagcaacttt 1500

gcctggacgg gagctgccaa gtttaagctg aacggccgag actctctaat gaatccgggc 1560

gtggcaatgg cttcccacaa ggatgacgac gaccgcttct tcccttcgag cggggtcctg 1620

atttttggca agcaaggagc cgggaacgat ggagtggatt acagccaagt gctgattaca 1680

gatgaggaag aaatcaaggc taccaacccc gtggccacag aagaatatgg agcagtggcc 1740

atcaacaacc aggccgccaa tacgcaggcg cagaccggac tcgtgcacaa ccaggggggtg 1800

attcccggca tggtgtggca gaatagagac gtgtacctgc agggtcccat ctgggccaaa 1860

attcctcaca cggacggcaa ctttcacccg tctcccctga tgggcggctt tggactgaag 1920

cacccgcctc ctcaaattct catcaagaac acaccggttc cagcggaccc gccgcttacc 1980

ttcaaccagg ccaagctgaa ctctttcatc acgcagtaca gcaccggaca ggtcagcgtg 2040

gaaatcgagt gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatccaga gattcaatac 2100

acttccaact actacaaatc tacaaatgtg gactttgctg tcaacacgga gggggtttat 2160

agcgagcctc gccccattgg cacccgttac ctcacccgca acctgtaa 2208

<210> 989

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (337)..(337)

<223> a, c, t, or g

<400> 989

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcgaccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcnacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccagtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccatttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acggttcaag tcttctcgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cggctattta 1140

actttaaaca atggaagcca agccctggga cgttcctcct tctactgtct ggagtatttc 1200

ccatcgcaga tgctgagaac cggcaacaac tttcagttca gctacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcctggaca ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtacc tgtactacct ggtcagaacg caaacgactg gaactggagg gacgcagact 1380

ctggcattca gccaagcggg tcctagctca atggccaacc aggctagaaa ttgggtgccc 1440

ggaccttgct accggcagca gcgcgtctcc acgacaacca accagaacaa caacagcaac 1500

tttgcctgga cgggagctgc caagtttaag ctgaacggcc gagactctct aatgaatccg 1560

ggcgtggcaa tggcttccca caaggatgac gacgaccgct tcttcccttc gagcggggtc 1620

ctgatttttg gcaagcaagg agccgggaac gatggagtgg attacagcca agtgctgatt 1680

acagatgagg aagaaatcaa ggctaccaac cccgtagcca cagaagaata tggagcagtg 1740

gccatcaaca accaggccgc caatacgcag gcgcagaccg gactcgtgca caaccagggg 1800

gtgattcccg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 990

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (335)..(335)

<223> a, c, t, or g

<400> 990

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agccccgaag cccaaagcca accagcaaaa gcaggacgac 120

ggccggggtc tggtgcttcc tggctacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag 180

ggggagcccg tcaacgcggc ggacgcagcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaaag cgggtgacaa tccgtacctg cggtataacc acgccgacgc cgagtttcag 300

gagcgtctgc aagaagatac gtcttttggg ggcancctcg ggcgagcagt cttccaggcc 360

aagaagcggg ttctcgaacc tctcggtctg gttgaggaag gcgctaagac ggctcctgga 420

aagaaacgtc cggtagagcc atcaccccag cgttctccag actcctctac gggcatcggc 480

aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttaa accaggccaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtacactt caaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa tacagaggga 2160

acttatagtg aaccccgccc cattggcacc agatttctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 991

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (338)..(338)

<223> a, c, t, or g

<400> 991

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gccccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctcg aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcancc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccagtaga gcagtcaccc caagaaccag actcctcctc gggcatcggc 480

aggaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcact aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

attcaggtat ttacggactc ggaataccag ctgccgtacg tcctcggctc cgcgcaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatgattc cccagtacgg ctaccttaca 1140

ctgaacaatg gaagtcaagc cgtaggccgt tcctccttct actgcctgga atattttcca 1200

tctcaaatgc tgcgaactgg caacaacttc cagtttacct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcag tccacaggag gaactcaagg tacccagcaa 1380

ttgttatttt ctcaagctgg gcctgcaaac atgtcggctc aggctaagaa ctggctacct 1440

ggaccttgct accggcagca gcgagtctct acgacactgt cgcaaaacaa caacagcaac 1500

tttgcttgga ctggtgccac caaatatcac ctgaacggaa gagactcttt ggtaaatccc 1560

ggtgtcgcca tggcaaccca caaggacgac gaggaacgct tcttcccgtc gagtggagtc 1620

ctgatgtttg gaaaacaggg tgctggaaga gacaatgtgg actacagcag cgttatgcta 1680

accagcgaag aagaaattaa aaccactaac cctgtagcca cagaacaata cggtgtggtg 1740

gttgataact tgcagcaaac caatacgggg cctattgtgg gaaatgtcaa cagccaagga 1800

gccttacctg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 992

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 992

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr

565 570 575

Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln Thr

580 585 590

Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp
645 650 655
Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 993
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (113)..(113)
<223> Any naturally occurring amino acid
<400> 993

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Thr Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Xaa Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 994

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (112)..(112)

<223> Any naturally occurring amino acid

<400> 994

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly Xaa
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590
Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Leu Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Phe Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 995

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (113)..(113)

<223> Any naturally occurring amino acid

<400> 995

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Xaa Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Arg Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Val Val Val Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly Pro Ile
580 585 590
Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 996
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<220><221> source
<223> /note="AAV9 VP1"
<400> 996
atggccgccg acggctacct gcccgactgg ctggaggaca acctgagcga gggcatccgc 60

gagtggtggg ccctgaagcc cggcgccccc cagcccaagg ccaaccagca gcaccaggac 120
aacgcccgcg gcctggtgct gcccggctac aagtacctgg gccccggcaa cggcctggac 180
aagggcgagc ccgtgaacgc cgccgacgcc gccgccctgg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctga aggccggcga caacccctac ctgaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcgcc tgaaggagga caccagcttc ggcggcaacc tgggccgcgc cgtgttccag 360
gccaagaagc gcctgctgga gcccctgggc ctggtggagg aggccgccaa gaccgccccc 420

ggcaagaagc gccccgtgga gcagagcccc caggagcccg acagcagcgc cggcatcggc 480

aagagcggcg cccagcccgc caagaagcgc ctgaacttcg gccagaccgg cgacaccgag 540

agcgtgcccg acccccagcc catcggcgag ccccccgccg cccccagcgg cgtgggcagc 600

ctgaccatgg ccagcggcgg cggcgccccc gtggccgaca acaacgaggg cgccgacggc 660

gtgggcagca gcagcggcaa ctggcactgc gacagccagt ggctgggcga ccgcgtgatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctgta caagcagatc 780

agcaacagca ccagcggcgg cagcagcaac gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tggggctact tcgacttcaa ccgcttccac tgccacttca gcccccgcga ctggcagcgc 900

ctgatcaaca acaactgggg cttccgcccc aagcgcctga acttcaagct gttcaacatc 960

caggtgaagg aggtgaccga caacaacggc gtgaagacca tcgccaacaa cctgaccagc 1020

accgtgcagg tgttcaccga cagcgactac cagctgccct acgtgctggg cagcgcccac 1080

gagggctgcc tgccccccct ccccgccgac gtgttcatga tcccccagta cggctacctg 1140

accctgaacg acggcagcca ggccgtgggc cgcagcagct tctactgcct ggagtacttc 1200

cccagccaga tgctgcgcac cggcaacaac ttccagttca gctacgagtt cgagaacgtg 1260

cccttccaca gcagctacgc ccacagccag agcctggacc gcctgatgaa ccccctgatc 1320

gaccagtacc tgtactacct gagcaagacc atcaacggca gcggccagaa ccagcagacc 1380

ctgaagttca gcgtggccgg ccccagcaac atggccgtgc agggccgcaa ctacatcccc 1440

ggccccagct accgccagca gcgcgtgagc accaccgtga cccagaacaa caacagcgag 1500

ttcgcctggc ccggcgccag cagctgggcc ctgaacggcc gcaacagcct gatgaacccc 1560

ggccccgcca tggccagcca caaggagggc gaggaccgct tcttcccccc gagcggcagc 1620

ctgatcttcg gcaagcaggg caccggccgc gacaacgtgg acgccgacaa ggtgatgatc 1680

accaacgagg aggagatcaa gaccaccaac cccgtggcca ccgagagcta cggccaggtg 1740

gccaccaacc accagagcgc ccaggcccag gcccagaccg gctgggtgca gaaccagggc 1800

atcctgcccg gcatggtgtg gcaggaccgc gacgtgtacc tgcagggccc catctgggcc 1860

aagatccccc acaccgacgg caacttccac cccagccccc tgatgggcgg cttcggcatg 1920

aagcaccccc ccccccagat cctgatcaag aacacccccg tgcccgccga ccccccccacc 1980

gccttcaaca aggacaagct gaacagcttc atcacccagt acagcaccgg ccaggtgagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggag aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacaccagca actactacaa gagcaacaac gtggagttcg ccgtgaacac cgagggcgtg 2160

tacagcgagc cccgccccat cggcacccgc tacctgaccc gcaacctgta a 2211

<210> 997

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 997

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt taacattcaa 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc cgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaaccc agagattcaa 2100

tacacttcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 998

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 998

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc actttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa agccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtttg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 999

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 999

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa tacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctccgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcctc acacaaagac gacaaggagc gttttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagtcaa 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacca ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1000

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1000

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

attcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1001

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1001

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860
aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920
aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980
accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100
tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160
tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1002
<211> 2244
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<220><221> modified_base
<222> (2241)..(2241)
<223> a, c, t, or g
<400> 1002
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaaga gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt 2220

aatcaataaa ccgtttaatt nttt 2244

<210> 1003

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1003

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg ggacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaatcacct ctacaagcaa 780

atctccaaca gcacatctgg aggatcttca aatgacaacg cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caaccgcttc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa actcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctaacgctca acaatggcag ccaggcagtg ggacggtcat ccttttactg cctggaatat 1200

ttcccatcgc agatgctgag aacgggcaac aactttacct tcagctacac ctttgaggac 1260

gttccttttcc acagcagcta cgctcacagc cagagtctgg accgtctcat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacaagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggacttaagc acccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca cgcctgttcc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaacccca ccccattggc acccgttacc tcacccgtcc cctgtaa 2217

<210> 1004

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1004

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcaccc atgcaagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acgattcagg tctttacgga ttcggaatac cagctcccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080
cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcagta cggctaccta 1140
acgctcaaca atggtagcca ggcagtggga cggtcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccatcgcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggacgtt 1260
cctttccaca gcagctacgc tcacagccag agtctggacc gtctcatgaa tcctctgatt 1320
gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440
ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500
aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560
cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620
atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680
ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740
gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860
gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920
ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980
accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040
agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100
cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160
gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1005
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1005
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg gtatctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100
tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160
tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1006
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 1006

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600
cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac atgggccttg cccacctata acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccatttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaatttggg atcccggccc aagagactca acttcaagct cttcatcatc 960
caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020
acggttcaag tcttctcgga ctcggagtac cagttgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcagta cggctaccta 1140

acgctcaaca atggcagcca ggcagtggga cggtcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccatcgcaga tgctgagaac gggcaataac tttaccttca gctacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctctcatc 1320

gaccagtacc tgtattacct gaacagaact cagaatcagt ccggaagtgc ccaaaacaag 1380

gacttgctgt ttagccgggg gtctccagct ggcatgtctg ttcagcccaa aaactggcta 1440

cctggaccct gttaccggca gcagcgcgtt tctaaaacaa aaacagacaa caacaacagc 1500

aactttacct ggactggtgc ttcaaaatat aaccttaatg ggcgtgaatc tataatcaac 1560

cctggcactg ctatggcctc acacaaagac gacaaagaca agttctttcc catgagcggt 1620

gtcatgattt ttggaaagga gagcgccgga gcttcaaaca ctgcattgga caatgtcatg 1680

atcacagacg aagaggaaat caaagccact aaccccgtgg ccaccgaaag atttgggact 1740

gtggcagtca atctccagag cagcagcaca gaccctgcga ccggagatgt gcatgttatg 1800

ggagccttac ctggaatggt gtggcaagac agagacgtat acctgcaggg tcctatttgg 1860

gccaaaattc ctcacacgga tggacacttt cacccgtctc ctctcatggg cggctttgga 1920

cttaagcacc cgcctcctca gatcctcatc aaaaacacgc ctgttcctgc gaatcctccg 1980

gcagagtttt cggctacaaa gtttgcttca ttcatcaccc agtattccac aggacaagtg 2040

agcgtggaga ttgaatggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa tcccgaagtg 2100

cagtatacat ctaactatgc aaaatctgcc aacgttgatt tcactgtgga caacaatgga 2160

ctttatactg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1007

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1007

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag 540

tcagtgcccg accctcaacc aatcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc cgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgatc cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1008

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1008

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca agagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

attcaggtct ttacggattc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gtagccaggc agtgggacgg tcatcctttt tctgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccga gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1009

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1009

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcacca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga caggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagaacag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtagacaa caatggactt 2160

tatactgtgc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1010

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1010

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacgc ggcggacgcg gcggccctcg aacacgacaa ggcttacgac 240

cagcagctca aggcgggtga caacccctac ctgcggtata accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caagaaccgg actcctcctc gggtattggc 480

aaaacaggtg agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctataaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt tcacggactc agagtatcag ctgccgtacg tgctcgggtc ggctcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc agcggacgtg ttcatgattc ctcagtacgg gtatctgaca 1140

ctcaacaacg gcagtcaggc agtgggacgg tcatccttct actgcctgga atattttcca 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttt ccgttcagtt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1011

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1011

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga acagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

gactgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg gacaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1012

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1012

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcacca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg tgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga ctgagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatactc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1013

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1013

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtactt caacgggggc cagtaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg gacaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1014

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1014

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctgcggtata accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

attcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcact ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aggagcgttt ttttccagta ccgggatcct 1620

gattttggca aacaaaatgc tgccagagac aatgcggatt acagcgatgt catgctcacc 1680

agcgaggaag aaatcaaaac cactaaccct gtggctacag aggaatacgg tatcgtggca 1740

gataacttgc agcagcaaaa cacggctcct caaattggaa ctgtcaacag ccaggggggcc 1800

ttacccggta tggtctggca gaaccgggac gtgtacctgc agggtcccat ctgggccaag 1860

attcctcaca cggacggcaa cttccacccg tctccgctga tgggcggctt tggcctgaaa 1920

catcctccgc ctcagatcct gatcaagaac acgcctgtac ctgcggatcc tccgaccacc 1980
ttcaaccagt caaagctgaa ctctttcatc acgcaataca gcaccggaca ggtcagcgtg 2040
gaaattgaat gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaaccccga gatccagtac 2100
acctccaact actacaaatc tacaagtgtg gactttgctg ttaatacaga aggcgtgtac 2160
tctgaacccc accccattgg cacccgttac ctcacccgtc ccctgtaa 2208

<210> 1015
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1015
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240
cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc ttcaaggaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600
aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccttgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960
gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgta 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1016

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1016

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac aaaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatt 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1017

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1017

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gatgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1018

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1018

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccgaccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaacgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctccgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acgctcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcact cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1019

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1019

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaaggaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccttgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg acaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gatgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1020

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1020

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacc 1020

atccaggtct ttacggactc ggaataccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcaaggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1021

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1021

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacgggaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1022

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1022

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1023

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1023

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccttgccc acctataaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggtttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcaa 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaacctg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1024

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1024

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc ctcgggcatc 480

ggcaagacag gccagcagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg tggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac atgggccttg cccacctata acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc tcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actttgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactgggtg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgggtt tcaacggcaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaaag gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca aacgctggaa cccagagatt 2100

caatacactt ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1025

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (676)..(676)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (697)..(697)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (715)..(715)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (748)..(748)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (750)..(750)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (757)..(757)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (763)..(763)

<223> a, c, t, or g

<400> 1025

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcangaaa ttggcattgc gattccncat ggctgggcga cagantcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgncn acctacnaca acnacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ttggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcctatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggaaacttt catccctcgc cgctgatggg aggctttgga 1920

ctgaaacacc cgcctcctca gatcctgatt aagaatacac ctgttcccgc ggatcctcca 1980

actaccttca gtcaagctaa gctggcgtcg ttcatcacgc aatacagcac aggacaagtg 2040

agtgtggaaa ttgaatggga gctgcagaaa gaaaacagca agcgctggaa tcccgaagtg 2100

cagtacacat ccaattatgc aaaatctgcc aacgttgatt ttactgtgga caacaatgga 2160

ctttatactg agcctcgccc cattggcacc cgttacctta cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1026

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1026

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaacccccg caggcccctc tggtgtggga 600

tctcttacaa tggcttcagg tggtggcgca ccagtggcag acaataacga aggtgccgat 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg ggacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac atgggccttg cccacctata acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgga caatgatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acgattcagg tctttacgga ctcggaatac cagttgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcagta cggctaccta 1140

acgctcaaca atggcagcca ggcagtggga cggtcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccatcgcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacttt tgaggacgtt 1260

cctttccaca gcagctacgc tcacagccag agtctggacc gtctcatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcacgcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccggacaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gtttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1027

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1027

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcacaaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1028

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1028

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gaccccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc ttcaaggaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840
gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960
gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020
atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140
ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200
tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260
ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320
cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380
ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440
ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560
ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620
ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680
accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740
gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800
gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860
aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1029

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1029

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg ggacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacctaca acaatcacct ctacaagcaa 780

atctccaaca gcacatctgg aggatcttca aatgacaacg cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caaccgcttc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

attcaggtca aagaggttac ggacaacaat ggagtcaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacggtcc aggtctttac ggactcggag taccagttgc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcctccctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatat 1200

ttcccttctc agatgctgag aacgggcaac aactttacct tcagctacac ctttgaggac 1260

gttcctttcc acagcagcta cgctcacagc cagagtctgg accgtctcat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacaagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggcaaaga ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggtggattc 1920

ggacttaaac accctcctcc acagattctc atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag cacaggacaa 2040

gtgagtgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaagaaaaca gcaagcgctg gaatcccgaa 2100

gtgcagtaca catccaatta tgcaaaatct gccaacgttg attttactgt ggacaacaat 2160

ggactttata ctgagcctcg ccccattggc acccgttacc ttacccgtcc cctgtaa 2217

<210> 1030

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1030

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aaggggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag 540

tcagtgcccg atcctcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cattttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

attcaggtct ttacggattc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcattattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gtagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgccag tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1031

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1031

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctttttggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtgcccg accctcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

attcaggtct ttacggattc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gtagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc acgcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1032

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1032

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc ccgtcaacga ggcggacgcg gcggccctcg aacacgacaa ggcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctgcggtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcaggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctataaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagtaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa cgatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacc 1020

attcaggtgt ttacggactc ggaataccag ctgccgtacg ttctcggctc cgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaactgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1033

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1033

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttgggt ctggttgagg aaggggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaaa ggccggtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aagacaggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtg cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctataaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagtaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

atccaggtct ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gtagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1034

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1034

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact ttggctacag caccccttgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc acgcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1035

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1035

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccgaccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaacgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctccgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acgctcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1036

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1036

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggaa cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcggagtac cagttgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca acggtagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1037

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1037

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1038

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1038

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt taacattcaa 960

gtcaaagagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg ttctcggctc cgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acacctttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctggaac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt gtctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcgacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacatgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1039

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1039

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaggaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cggctcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcctcaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1040

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1040

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1041

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1041

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1042
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1042
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Asn Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Thr
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 1043
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 1043

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1044

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1044

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1045

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1045

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1046

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1046

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

```
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145                 150                 155                 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
                165                 170                 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
            180                 185                 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
        195                 200                 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
    210                 215                 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225                 230                 235                 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
                245                 250                 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp
            260                 265                 270
Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
        275                 280                 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
    290                 295                 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305                 310                 315                 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
                325                 330                 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
            340                 345                 350
```

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
450 455 460
Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Pro Leu

<210> 1047

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1047

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Gln Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525
Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 1048

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1048

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1049

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1049

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Leu Gly Ser Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Ile Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly
705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735

Leu

<210> 1050
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1050
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Asp Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1051

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1051

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Glu Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1052
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 1052

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Asn Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Val Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1053

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1053

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Glu Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Pro Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1054

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1054

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Asp Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1055

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1055

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Val Ile Thr
225 230 235 240

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr
245 250 255
Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln
450 455 460
Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys Asp
515 520 525
Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Ile Leu Thr
545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr
565 570 575
Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile
580 585 590
Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp

645 650 655

Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1056

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1056

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1057

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1057

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Arg Ser Val Phe Phe Gln Tyr Arg Asp Pro Asp Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr

565 570 575

Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile

580 585 590

Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp

645 650 655

Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1058

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1058

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

```
    450                 455                 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
    530                 535                 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545                 550                 555                 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
                565                 570                 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
            580                 585                 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
        595                 600                 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
            660                 665                 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1059
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1059
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1060

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1060

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1061
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1061

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 1062
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 1062

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Asp

530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1063

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1063

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Lys Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1064

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1064

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Gly Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1065

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1065

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1066

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1066

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Gln
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Leu Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1067

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1067

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Val
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Ala Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Lys Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 1068

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (226)..(226)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (233)..(233)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (239)..(239)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (250)..(250)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (253)..(253)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (255)..(255)

<223> Any naturally occurring amino acid

<400> 1068

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Xaa Asn Trp His Cys Asp Ser Xaa Trp Leu Gly Asp Arg Xaa Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Xaa Thr Tyr Xaa Asn Xaa Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
515 520 525
Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 1069

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1069

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asp Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn His Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
515 520 525
Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590
Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735

Leu

<210> 1070

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1070

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1071

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1071

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1072

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1072

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp
260 265 270
Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asn Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn
705 710 715 720
Gly Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Pro Leu

<210> 1073
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 1073
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp

260 265 270

Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620
Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asn Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn
705 710 715 720
Gly Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Pro Leu

<210> 1074
<211> 736

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1074

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Ile Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1075

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1075

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn His Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1076

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1076

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asp Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1077

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1077

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1078

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1078

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn His Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1079

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1079

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

```
    450                 455                 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465                 470                 475                 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
                485                 490                 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
            500                 505                 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
        515                 520                 525
Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
    530                 535                 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545                 550                 555                 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
                565                 570                 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
            580                 585                 590
Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
        595                 600                 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
    610                 615                 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625                 630                 635                 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
                645                 650                 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
            660                 665                 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
        675                 680                 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
    690                 695                 700
```

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 1080
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1080
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asn Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 1081

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1081

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1082

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1082

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ser Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Met Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1083

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1083

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Gly Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1084

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1084

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tgcatccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc caaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cggcacagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg atacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1085

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1085

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc cgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1086

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1086

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttggaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacaggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1087

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1087

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagt ctggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgattttcg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 1088

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1088

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagaaaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctg 2208

<210> 1089

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1089

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaaggaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaaccg cttccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caaccatcca 960

ggtcaaggag gtcacgcaga atgaaggcac caagaccatc gccaataacc tcaccagcac 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagttcactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt gggtaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1090

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1090

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaaca tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga cttcgggagg aagcaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctccgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggacgtt 1260

cctttccaca gcagctacgc tcacagccag agtctggacc gtctcatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980
accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040
agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100
cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160
gtgtactctg atccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1091
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1091
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600
cctaatacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggcgccgac 660
ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggatggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960
caagtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacac aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1092

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (676)..(676)

<223> a, c, t, or g

<400> 1092

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagaaaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgatgga 660
gtgggtaatg cctcangaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacatg ggccttgcca cctataacaa ccacctctac aagcaaatct 780
ccagtgcttc aacgggggcg cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840
gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020
gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080
ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140
ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200
tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260
ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320
cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440
ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500
tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560
ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620
ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680
accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740
gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtttg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacacagt actccacggg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actactacaa atctacaaat gtggactttg ctgttaacac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1093

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (715)..(715)

<223> a, c, t, or g

<400> 1093

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaaggaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagantcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctataaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg gacaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact ttcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1094

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1094

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc cgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1095

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1095

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cagcagctcc aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaaggaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaaccg cttccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1096

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1096

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacttcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctgcgtcacg 840

ccctgggggt attttgactt taacaaattc cactgccact tttcaccgga tgactggcaa 900

cgactcatca acaacggctg gggattccgg actaagcgac tcaacttcaa gctcttcagc 960

atgaaagtca aaaagggtac ggacaacact ggaatcaaga ccatcgcgaa taaccttacc 1020

aacacggtcc atgtcttcgc ggactcggag taccagttgc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcctccctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattccgca gtacggctac 1140

ctaacgctca acaatggcag ccaggcagtg ggacggtcat ccttttactg cctggaatat 1200

ttcccatcgc agatgctgag aacgggcaac aactttacct tcagctacac ctttgaggac 1260

gttcctttcc acagcagcta cgctcacagc cagagtctgg accgtctcat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacaagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaacccggag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaacccca ccccattggc acccgttacc tcacccgtcc cctgtaa 2217

<210> 1097

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1097

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaacccccg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgat 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaaacaa 780

atttccagcg cttcaacggg agcctcgaac gacaatcact actttggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcggagtac cagttgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcagta cggctaccta 1140

acgctcaaca atggcagcca ggcagtggga cggtcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccatcgcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggacgtt 1260

cctttccaca gcagctacgc tcacagccag agtctggacc gtctcatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acctgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ttcacacgga cggcaacttt caccttctc cgctgatggg agggtttgga 1920

atgaagcacc cgcctcctcc gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgccgaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggt 2160

gtgtactatg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca ccctcccct gtaa 2214

<210> 1098

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1098

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgctctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggca 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac atgggccttg cccacctata acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcacaa caattggggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcggagtac cagttgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcagta cggctaccta 1140

acgctcaaca atggcagcca ggcagtggga cggtcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccatcgcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggacgtt 1260

cctttccaca gcagctacgc tcacagccag agtctggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1099

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1099

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagaaaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc cgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgatcc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc acgcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg cttcggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1100

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1100

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctca gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgcccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg ggacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcaaaga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cgggtacctg 1140

actctgaaca atggcagtca ggccgtgggc cgttcctcct tctactgcct ggagtacttt 1200

ccttctcaaa tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatgcgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacac agtactccac gggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgttaa cacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 1101

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1101

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggtga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacacagt actccacggg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actactacaa atctacaaat gtggactttg ctgttaacac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacttcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1102

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1102

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaaaaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctcg acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat ctgaatggaa gaaattcatt ggctaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtttg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacacagt actccacggg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actactacaa atctacaaat gtggactttg ctgttaacac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1103

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1103

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcacca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaagg cgccgatgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct caccagcacc 1020

atccaggtgt ttacggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctgact 1140

ctgaacaatg gcagtcaggc cgtgggccgt tcctccttct actgcctaga gtactttcct 1200

tctcaaatgc tgagaacggg caacaacttt gagttcagct accagtttga ggacgtgcct 1260

tttcacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaac 1500

tttgcctgga ctgctgggac caaataccat atgaatggaa gaaattcatt ggttaatcct 1560

ggcatcgcta tggcaacaca caaagacgac aaggagcgtt tttttcccag taacgggatc 1620

ctgatttttg gcaaacaaaa tgttgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtattgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtcgccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccaccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 1104

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1104

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Arg Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1105

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1105

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Ala Ser Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Gly Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1106
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1106
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1107
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1107

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Glu Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1108

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1108

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1109

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1109

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1110
<211> 734
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1110
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn His Pro
305 310 315 320
Gly Gln Gly Gly His Ala Glu Arg His Gln Asp His Arg Gln Pro His

325 330 335

Gln His Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val

340 345 350

Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val

355 360 365

Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln

370 375 380

Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln

385 390 395 400

Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe Glu Asp

405 410 415

Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu

420 425 430

Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln

435 440 445

Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln Gly

450 455 460

Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro

465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn Asn Asn

485 490 495

Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg

500 505 510

Asn Ser Leu Gly Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp

515 520 525

Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly Lys Gln

530 535 540

Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly

565 570 575

Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile Gly
580 585 590
Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620

Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro
645 650 655
Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr
690 695 700
Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser
705 710 715 720
Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730

<210> 1111
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 1111
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys His Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590
Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Asp Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 1112
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1112

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525
Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590
Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 1113

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (226)..(226)

<223> Any naturally occurring amino acid

<400> 1113

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Xaa Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Pro Ile Thr Thr Thr Ser
245 250 255
Thr Ser Lys Ser Pro Val Leu Gln Arg Gly Arg Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1114
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (239)..(239)
<223> Any naturally occurring amino acid
<400> 1114
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Xaa Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Phe Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1115

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1115

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1116

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1116

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

```
    450                 455                 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
    530                 535                 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545                 550                 555                 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
                565                 570                 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
            580                 585                 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
        595                 600                 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
            660                 665                 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1117
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1117
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Cys Val Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Lys Phe His Cys His Phe Ser Pro Asp Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Gly Trp Gly Phe Arg Thr Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Ser
305 310 315 320
Met Lys Val Lys Lys Gly Thr Asp Asn Thr Gly Ile Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Asn Thr Val His Val Phe Ala Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Pro Leu

<210> 1118
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 1118
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Leu
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Met Lys His Pro Pro Pro Pro Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Pro Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Tyr Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Pro Pro
725 730 735

Leu

<210> 1119
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1119

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Ala Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Thr Thr

290 295 300

Ile Gly Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590
Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 1120
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1120

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn His Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1121

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1121

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Gln Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Ala Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His
515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met
545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735

Leu

<210> 1122
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1122
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Phe Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1123
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1123
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

```
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
    290                 295                 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305                 310                 315                 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
                325                 330                 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
            340                 345                 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
        355                 360                 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
    370                 375                 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385                 390                 395                 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
                405                 410                 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
            420                 425                 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
        435                 440                 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
    450                 455                 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
                485                 490                 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
```

530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1124

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1124

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
```

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Met Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Asn Val Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1125

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1125

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtttggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 1126

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1126

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 1127
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 1127
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu

165 170 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val

580 585 590

Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys

675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1128

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1128

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
                165                 170                 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
            180                 185                 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
        195                 200                 205
```

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320
Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415
Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

```
    450                 455                 460
Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465                 470                 475                 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Leu Ile Pro Ala
                485                 490                 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Arg Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
            500                 505                 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly
        515                 520                 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
    530                 535                 540
Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545                 550                 555                 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
                565                 570                 575
Gly Asn Leu Pro Phe Arg Asp Leu Ser Ser Ser Asn Leu Pro Thr Val
            580                 585                 590
Asp Arg Ser Thr Pro Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
        595                 600                 605
Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
    610                 615                 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625                 630                 635                 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
                645                 650                 655
Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
            660                 665                 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
        675                 680                 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
    690                 695                 700
```

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720
Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1129
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1129
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365
Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Tyr Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Leu Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val

580 585 590

Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1130

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1130

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320
Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Gly Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Ile Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Leu Tyr Asp Ala Ser Ser Ser Asn Leu Pro Thr Val

580 585 590

Asp Arg Leu Thr Leu Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685
Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1131
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1131
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Thr Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Thr Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Gly Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575
Gly Asn Leu Pro Arg Val Asp Thr Ser Ala Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590
Asp Arg Tyr Thr Asn Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685
Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720
Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1132
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 1132
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Ser Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Phe Ala Thr Ala Gly
515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575

Gly Asn Leu Pro Asp Tyr Asp Ser Ser Leu Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590

Asp Arg Asp Thr Thr Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1133

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1133

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Ser Ile Pro Ala
485 490 495
Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Trp Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Cys Ala Thr Ala Gly
515 520 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540
Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575

Gly Asn Leu Pro Gln Gly Asp Ser Ser Leu Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590
Asp Arg Met Thr Val Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605
Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685
Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1134

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1134

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu

165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met

180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu

195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly

245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430
Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Cys Ile Pro Ala
485 490 495
Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Arg Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Leu Ala Thr Ala Gly
515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540
Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575
Gly Asn Leu Pro Tyr Lys Asp Ser Ser Arg Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590

Asp Arg Glu Thr Ser Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605
Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys

675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1135

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1135

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu

165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met

180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu

195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly

245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430
Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460
Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Ile Ile Pro Ala
485 490 495
Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Tyr Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Arg Ala Thr Ala Gly
515 520 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575
Gly Asn Leu Pro Trp Ile Asp Asn Ser Arg Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590
Asp Arg Pro Thr Ser Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605

Lys Asn Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1136

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1136

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu

165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met

180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu

195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly

245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415
Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460
Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Gly Ile Pro Ala
485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Ile Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Arg Ala Thr Ala Gly
515 520 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540
Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val

580 585 590

Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys

675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1137

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1137

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu

165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met

180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu

195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly

245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365
Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415
Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430
Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460
Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Val Ile Pro Ala
485 490 495
Thr Glu Ser Asp Ser Leu Ile Tyr Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Tyr Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Pro Arg Asp Asp Ser Thr Ser Asn Leu Pro Thr Val

580 585 590

Asp Arg Lys Thr Tyr Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys

675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1138

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1138

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320
Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365
Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415
Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430
Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Tyr Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Ile Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Ile Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ser Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Thr Asp Asp Asp Ser Arg Ser Asn Leu Pro Thr Val

580 585 590

Asp Arg Met Thr Leu Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys

675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1139

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1139

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320
Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365
Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr His Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Tyr Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Ser Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Arg Arg Asp Ser Ser Val Ser Asn Leu Pro Thr Val

580 585 590

Asp Arg Tyr Thr Asp Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1140

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1140

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320
Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Ser Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Arg Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Arg His Asp Ser Ser Leu Ser Asn Leu Pro Thr Val

580 585 590

Asp Arg Asn Thr Gly Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720
Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1141
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1141
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Phe Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Arg Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Leu Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Val Ile Asp Phe Ser Lys Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590

Asp Arg Leu Thr His Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1142

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1142

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575

Gly Asn Leu Pro Val Arg Asp Phe Ser Leu Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590

Asp Arg Thr Thr Lys Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1143

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1143

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
                165                 170                 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
            180                 185                 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
        195                 200                 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
    210                 215                 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
```

225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly

245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Phe Ile Pro Ala
485 490 495
Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Gln Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly
515 520 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575
Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590
Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685
Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720
Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1144

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1144

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320
Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415
Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460
Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Glu Met Pro Ala
485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Ile Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Phe Ala Thr Ala Gly
515 520 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540
Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Val Trp
565 570 575
Gly Asn Leu Pro Ser Gly Asp His Ser Gln Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590
Asp Arg Pro Thr Met Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605
Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Ile Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val His Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asp Tyr
690 695 700
Gly Gln His Ser Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720
Thr Glu Pro Thr Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1145

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1145

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415
Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430
Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460
Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Asp Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 1146

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1146

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365
Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415
Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430
Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Ile Ile Pro Ala
485 490 495
Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Thr Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Val Ala Thr Ala Gly
515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540
Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Phe Asn Asp Asp Ser Ser Ser Asn Leu Pro Thr Val

580 585 590

Asp Arg Ser Thr Phe Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn

595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys

675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1147

<211> 733

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1147

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190
Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr
245 250 255
Thr Ser Ser Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala
370 375 380
Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met
405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn
435 440 445
Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe
450 455 460
Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln
465 470 475 480

Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly
485 490 495
Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
500 505 510
Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln

565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 1148

<211> 742

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1148

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Ala Thr Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Lys Thr Pro Asn Arg Pro Thr Asn Pro Asp Ser Gly Lys
145 150 155 160

Ala Pro Ala Lys Lys Lys Gln Lys Asp Gly Glu Pro Ala Asp Ser Ala
165 170 175

Arg Arg Thr Leu Asp Phe Glu Asp Ser Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro
180 185 190

Glu Gly Ser Ser Ser Gly Glu Met Ser His Asp Ala Glu Met Arg Ala
195 200 205

Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Glu Ala Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val
210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly
225 230 235 240

Arg Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn
245 250 255
Asn His Leu Tyr Leu Arg Ile Gly Thr Thr Ala Asn Ser Asn Thr Tyr
260 265 270
Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Phe Pro Pro Phe Pro Asn Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Val Val Thr Gly Lys
370 375 380
Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Val Ser Tyr Gln
405 410 415
Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Met Met Asn Pro Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln
435 440 445
Ser Thr Thr Thr Gly Asn Ser Leu Asn Gln Gly Thr Ala Thr Thr Thr
450 455 460
Tyr Gly Lys Ile Thr Thr Gly Asp Phe Ala Tyr Tyr Arg Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Ala Cys Ile Lys Gln Gln Lys Phe Ser Lys Asn Ala Asn

485 490 495

Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly Gly Asp Ala Leu Leu Lys Tyr

500 505 510

Asp Thr His Thr Thr Leu Asn Gly Arg Trp Ser Asn Met Ala Pro Gly

515 520 525

Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Ala Gly Asp Ser Asp Phe Ser Asn Ser

530 535 540

Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Asn Pro Ser Gly Asn Thr Thr Thr Ser

545 550 555 560

Ser Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu Glu Glu Ile Ala Thr Thr Asn

565 570 575

Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn

580 585 590

Ala Thr Thr Ala Pro His Ile Ala Asn Leu Asp Ala Met Gly Ile Val

595 600 605

Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile

610 615 620

Trp Ala Lys Val Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu

625 630 635 640

Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys

645 650 655

Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Asn Thr Thr Phe Ser Ala Ala Arg

660 665 670

Ile Asn Ser Phe Leu Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Gln

675 680 685

Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu His Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu

690 695 700

Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Thr Gln Asn Ser Met Leu Trp Ala

705 710 715 720

Pro Asp Asn Ala Gly Asn Tyr His Glu Leu Arg Ala Ile Gly Ser Arg
725 730 735
Phe Leu Thr His His Leu
740

<210> 1149
<211> 733
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1149
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190
Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr
245 250 255
Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Ser Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala
370 375 380
Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Gly Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala Tyr Ser Gln Ser Pro Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln

565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg
675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn
690 695 700
Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu
705 710 715 720
Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 1150
<211> 733
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"
<400> 1150
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Leu
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe His Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr
245 250 255

Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Gly Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln

565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly
610 615 620
His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala
645 650 655
Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg
675 680 685
Ser Lys Arg Arg Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn
690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu
705 710 715 720
Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 1151
<211> 733
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1151
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Glu Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205

Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr
245 250 255

Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Thr Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Gly Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
565 570 575
Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605
Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly
610 615 620
His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640
Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Tyr Pro Ala
645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg
675 680 685
Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Cys Gly Asn
690 695 700
Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu
705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 1152
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1152
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175
Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190
Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205
Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240
Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255
Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu

420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr

435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr

450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys

465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Glu Ile Pro Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Glu Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp

500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly
515 520 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575
Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Ser Ser Asn Leu Pro Thr Val
580 585 590
Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605

Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685
Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720
Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1153
<211> 735
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1153

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Glu Ile Pro Ala
485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Glu Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly
515 520 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540
Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575
Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Ser Ser Asn Leu Pro Val Val
580 585 590
Arg Gly Leu Arg Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605
Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1154

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1154

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu

165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met

180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu

195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly

245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg

370 375 380

Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr

385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His

405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430
Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445

Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460
Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Glu Ile Pro Ala
485 490 495
Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Glu Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510

Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly
515 520 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540
Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575

Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Ser Ser Asn Leu Pro Val Val
580 585 590
Asn Arg Leu Ser Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605
Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys

675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr

705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1155

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1155

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu

165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met

180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu

195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly

245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg

290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly

305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala

325 330 335

Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly

340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly

355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400

Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415
Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430
Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460

Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Glu Ile Pro Ala
485 490 495
Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Glu Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly
515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540
Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp
565 570 575
Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Ser Ser Asn Leu Pro Pro Val
580 585 590

Met Gly Leu Gly Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605
Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys
675 680 685

Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730 735

<210> 1156

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1156

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu
165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met
180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu
195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His
210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly
245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320

Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350

Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365
Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415

Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430
Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460
Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480

Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Glu Ile Pro Ala
485 490 495
Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Glu Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly
515 520 525
Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro
530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Arg Val Asp Arg Leu Pro Thr

580 585 590

Val Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln

675 680 685

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1157

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1157

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu

165 170 175

Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met

180 185 190

Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu

195 200 205

Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly

245 250 255

Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly

260 265 270

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg
290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly
305 310 315 320
Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala
325 330 335
Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly
340 345 350
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly
355 360 365

Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg
370 375 380
Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr
385 390 395 400
Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His
405 410 415
Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu
420 425 430

Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr
435 440 445
Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr
450 455 460
Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys
465 470 475 480
Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Glu Ile Pro Ala
485 490 495

Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Glu Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp
500 505 510
Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly

515 520 525

Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro

530 535 540

Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr

545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp

565 570 575

Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Arg Ala Leu Arg Leu Pro Thr

580 585 590

Val Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln

675 680 685

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730 735

<210> 1158

<211> 1172

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1158

cttaattagg ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg 60

ggcgaccttt ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa 120

ctccatcact aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag 180

ggtaatgggg atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat 240

agtaatcaat tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac 300

ttacggtaaa tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa 360

tgacgtatgt tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggact 420

atttacggta aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc 480

ctattgacgt caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat 540

gggactttcc tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc 600

cacgttctgc ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt 660

tatttttaa ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg 720

gcggggcggg gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag 780

agcggcgcgc tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa 840

aagcgaagcg cgcggcgggc gggagcaagc tttattgcgg tagtttatca cagttaaatt 900

gctaacgcag tcagtgcttc tgacacaaca gtctcgaact taagctgcag aagttggtcg 960

tgaggcactg ggcaggtaag tatcaaggtt acaagacagg tttaaggaga ccaatagaaa 1020

ctgggcttgt cgagacagag aagactcttg cgtttctgat aggcacctat tggtcttact 1080

gacatccact ttgcctttct ctccacaggt gtccactccc agttcaatta cagctcttaa 1140

ggctagagta cttaatacga ctcsactata gg 1172

<210> 1159

<211> 3231

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1159

taagaattca cgcgtggtac ctctagagtc gacccgggcg gcctcgagga cggggtgaac 60

tacgcctgag gatccgatct ttttccctct gccaaaaatt atggggacat catgaagccc 120

cttgagcatc tgacttctgg ctaataaagg aaatttattt tcattgcaat agtgtgttgg 180

aatttttgt gtctctcact cggaagcaat tcgttgatct gaatttcgac cacccataat 240

acccattacc ctggtagata agtagcatgg cgggttaatc attaactaca aggaacccct 300

agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc 360

aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag 420

ccttaattaa cctaattcac tggccgtcgt tttacaacgt cgtgactggg aaaaccctgg 480

cgttacccaa cttaatcgcc ttgcagcaca tccccctttc gccagctggc gtaatagcga 540

agaggcccgc accgatcgcc cttcccaaca gttgcgcagc ctgaatggcg aatgggacgc 600

gccctgtagc ggcgcattaa gcgcggcggg tgtggtggtt acgcgcagcg tgaccgctac 660

acttgccagc gccctagcgc ccgctccttt cgctttcttc ccttcctttc tcgccacgtt 720

cgccggcttt ccccgtcaag ctctaaatcg ggggctccct ttagggttcc gatttagtgc 780

tttacggcac ctcgacccca aaaaacttga ttagggtgat ggttcacgta gtgggccatc 840

gccctgatag acggtttttc gccctttgac gttggagtcc acgttcttta atagtggact 900

cttgttccaa actggaacaa cactcaaccc tatctcggtc tattcttttg atttataagg 960

gattttgccg atttcggcct attggttaaa aaatgagctg atttaacaaa aatttaacgc 1020

gaattttaac aaaatattaa cgcttacaat ttaggtggca cttttcgggg aaatgtgcgc 1080

ggaaccccta tttgtttatt tttctaaata cattcaaata tgtatccgct catgagacaa 1140

taaccctgat aaatgcttca ataatattga aaaaggaaga gtatgagtat tcaacatttc 1200

cgtgtcgccc ttattccctt ttttgcggca ttttgccttc ctgtttttgc tcacccagaa 1260

acgctggtga aagtaaaaga tgctgaagat cagttgggtg cacgagtggg ttacatcgaa 1320

ctggatctca acagcggtaa gatccttgag agttttcgcc ccgaagaacg ttttccaatg 1380

atgagcactt ttaaagttct gctatgtggc gcggtattat cccgtattga cgccgggcaa 1440

gagcaactcg gtcgccgcat acactattct cagaatgact tggttgagta ctcaccagtc 1500

acagaaaagc atcttacgga tggcatgaca gtaagagaat tatgcagtgc tgccataacc 1560

atgagtgata acactgcggc caacttactt ctgacaacga tcggaggacc gaaggagcta 1620

accgcttttt tgcacaacat gggggatcat gtaactcgcc ttgatcgttg ggaaccggag 1680

ctgaatgaag ccataccaaa cgacgagcgt gacaccacga tgcctgtagc aatggcaaca 1740

acgttgcgca aactattaac tggcgaacta cttactctag cttcccggca acaattaata 1800

gactggatgg aggcggataa agttgcagga ccacttctgc gctcggccct tccggctggc 1860

tggtttattg ctgataaatc tggagccggt gagcgtgggt ctcgcggtat cattgcagca 1920

ctggggccag atggtaagcc ctcccgtatc gtagttatct acacgacggg gagtcaggca 1980

actatggatg aacgaaatag acagatcgct gagataggtg cctcactgat taagcattgg 2040

taactgtcag accaagttta ctcatatata ctttagattg atttaaaact tcatttttaa 2100

tttaaaagga tctaggtgaa gatccttttt gataatctca tgaccaaaat cccttaacgt 2160

gagttttcgt tccactgagc gtcagacccc gtagaaaaga tcaaaggatc ttcttgagat 2220

ccttttttc tgcgcgtaat ctgctgcttg caaacaaaaa aaccaccgct accagcggtg 2280

gtttgtttgc cggatcaaga gctaccaact ctttttccga aggtaactgg cttcagcaga 2340

gcgcagatac caaatactgt tcttctagtg tagccgtagt taggccacca cttcaagaac 2400

tctgtagcac cgcctacata cctcgctctg ctaatcctgt taccagtggc tgctgccagt 2460

ggcgataagt cgtgtcttac cgggttggac tcaagacgat agttaccgga taaggcgcag 2520

cggtcgggct gaacgggggg ttcgtgcaca cagcccagct tggagcgaac gacctacacc 2580

gaactgagat acctacagcg tgagctatga gaaagcgcca cgcttcccga agggagaaag 2640

gcggacaggt atccggtaag cggcagggtc ggaacaggag agcgcacgag ggagcttcca 2700

gggggaaacg cctggtatct ttatagtcct gtcgggtttc gccacctctg acttgagcgt 2760

cgatttttgt gatgctcgtc agggggggcgg agcctatgga aaaacgccag caacgcggcc 2820

tttttacggt tcctggcctt ttgctggcct tttgctcaca tgttctttcc tgcgttatcc 2880

cctgattctg tggataaccg tattaccgcc tttgagtgag ctgataccgc tcgccgcagc 2940

cgaacgaccg agcgcagcga gtcagtgagc gaggaagcgg aagagcgccc aatacgcaaa 3000

ccgcctctcc ccgcgcgttg gccgattcat taatgcagct ggcacgacag gtttcccgac 3060

tggaaagcgg gcagtgagcg caacgcaatt aatgtgagtt agctcactca ttaggcaccc 3120

caggctttac actttatgct tccggctcgt atgttgtgtg gaattgtgag cggataacaa 3180

tttcacacag gaaacagcta tgaccatgat tacgccagat ttaattaagg c 3231

<210> 1160

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (264)..(264)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (266)..(266)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (268)..(268)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (448)..(448)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (459)..(460)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (467)..(467)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (470)..(471)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (474)..(474)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (495)..(495)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (516)..(516)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (533)..(533)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (547)..(547)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (551)..(551)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (555)..(555)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (557)..(557)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (561)..(561)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (563)..(563)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (577)..(577)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (583)..(583)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (593)..(593)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (596)..(596)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (661)..(662)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (664)..(665)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (710)..(710)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (717)..(719)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (723)..(723)

<223> Any amino acid

<400> 1160

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Xaa Ser Xaa Gly Xaa Thr Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Xaa
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Xaa Xaa Glu Leu Leu Phe
450 455 460

Ser Gln Xaa Gly Pro Xaa Xaa Met Ser Xaa Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Xaa Gln
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Xaa Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
515 520 525

Lys Asp Asp Glu Xaa Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Xaa Gly Ala Gly Xaa Asn Asn Thr Xaa Leu Xaa Asn Val Met
545 550 555 560

Xaa Thr Xaa Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Xaa Tyr Gly Val Val Ala Xaa Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro
580 585 590

Xaa Thr Gly Xaa Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asn Pro Pro Xaa Xaa Phe Xaa Xaa Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Xaa Asn Val Asp Phe Ala Val Xaa Xaa Xaa Gly
705 710 715 720
Val Tyr Xaa Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 1161
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1161
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Ser Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Ala Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Gly Ala Gly Ala Asn Asn Thr Ala Leu Glu Asn Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Val Val Ala Ser Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Ala Thr Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 1162
<211> 737
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 1162
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ser Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Ser Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ala Gly Ala Asn Asn Thr Thr Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560

Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Gln Tyr Gly Val Val Ala Ser Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro
580 585 590
Gln Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Ala Val Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ser Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 1163
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1163

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Ser Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Arg Glu Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Thr Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ala Gly Ala Asn Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Gln Tyr Gly Val Val Ala Ser Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro
580 585 590
Ala Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Thr Val Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ser Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 1164

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (264)..(264)

<223> Any amino acid

<220

><221> MOD_RES

<222> (448)..(448)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (459)..(459)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (470)..(470)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (495)..(495)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (533)..(533)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (547)..(547)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (555)..(555)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (557)..(557)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (561)..(561)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (563)..(563)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (593)..(593)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (596)..(596)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (661)..(662)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (664)..(664)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (718)..(718)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (723)..(723)

<223> Any amino acid

<400> 1164

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Xaa Ser Ser Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Xaa
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Xaa Arg Glu Leu Leu Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Xaa Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Xaa Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Xaa Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Xaa Gly Ala Gly Ala Asn Asn Thr Xaa Leu Xaa Asn Val Met

545 550 555 560

Xaa Thr Xaa Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Val Val Ala Ser Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Xaa Thr Gly Xaa Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Xaa Xaa Phe Xaa Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Xaa Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Xaa Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 1165

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (264)..(264)

<223> Any amino acid

<220

><221> MOD_RES

<222> (448)..(448)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (470)..(470)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (533)..(533)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (547)..(547)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (555)..(555)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (557)..(557)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (561)..(561)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (563)..(563)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (593)..(593)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (596)..(596)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (662)..(662)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (664)..(664)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (718)..(718)

<223> Any amino acid

<400> 1165

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Xaa Ser Ser Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Xaa

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Xaa Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Ser Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Xaa Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Xaa Gly Ala Gly Ala Asn Asn Thr Xaa Leu Xaa Asn Val Met

545 550 555 560

Xaa Thr Xaa Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Val Val Ala Ser Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Xaa Thr Gly Xaa Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Ala Xaa Phe Xaa Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Xaa Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735
Leu

<210> 1166
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1166
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480
ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 1167

<211> 733

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1167

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Val Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly
165 170 175

Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro Ala
180 185 190

Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala
195 200 205

Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser

210 215 220

Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr
225 230 235 240

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr
245 250 255

Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe
260 265 270

Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys
275 280 285

His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly
290 295 300

Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys
305 310 315 320

Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr
325 330 335

Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val
340 345 350

Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val
355 360 365

Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln
370 375 380

Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln
385 390 395 400

Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp
405 410 415

Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu
420 425 430

Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr Gln
435 440 445

Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
450 455 460

Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480
Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn Ser
485 490 495
Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
500 505 510

Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Lys
515 520 525
Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu Gly
530 535 540
Thr Asn Ala Asn Asn Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp Glu
545 550 555 560
Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Thr
565 570 575

Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Ala Gly Pro Thr Thr Gly Thr
580 585 590
Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp
595 600 605
Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
610 615 620
His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro
645 650 655
Thr Asn Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
675 680 685
Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn Lys
690 695 700

Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser Glu

705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 1168

<211> 2203

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1168

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcaggtggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1169

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1169

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Val Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1170
<211> 2203
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1170

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

ttttt gggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cggtcaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1171

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1171

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Val Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1172
<211> 2203
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1172
atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatgggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacac ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1173

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1173

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Thr Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1174

<211> 2203

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1174

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cggtcaacac ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1175

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1175

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Val Asn Thr Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1176

<211> 2203

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1176

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

ttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggccgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1177
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1177

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Ala Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1178

<211> 2203

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1178

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttatggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1179

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1179

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Met Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1180

<211> 2203

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1180

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtcgatgtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1181

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1181

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

```
    50                  55                  60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65                  70                  75                  80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
                85                  90                  95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
            100                 105                 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
        115                 120                 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
    130                 135                 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145                 150                 155                 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
                165                 170                 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
            180                 185                 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
        195                 200                 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
    210                 215                 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225                 230                 235                 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
                245                 250                 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
            260                 265                 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
        275                 280                 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
    290                 295                 300
```

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Asp Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1182

<211> 2203

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1182

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

ttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggacccag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1183
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1183

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Gln Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1184
<211> 2203
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 1184
atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatgggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagtcgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1185

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1185

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Ser Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1186

<211> 2203

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1186

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccaggggg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaa 2203

<210> 1187

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1187

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Gly Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1188

<211> 2194

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1188

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

ttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcggg aagcaaggct cagagaaaac aaatgtggac 1620

attgaaaagg tcatgatcac cagcgagagc gagacgcagc cggtgaaccg cgtggcgtac 1680

aacgtcggcg ggcagatggc caccaacaac cagagctcca ccactgcccc cgcgaccggc 1740

acgtacaacc tccaggaaat cgtgcccggc agcgtgtgga tggagaggga cgtgtacctc 1800

caaggaccca tctgggccaa gatcccagag acgggggcgc actttcaccc ctctccggcc 1860

atgggcggat tcggactcaa acacccaccg cccatgatgc tcatcaagaa cacgcctgtg 1920

cccggaaata tcaccagctt ctcggacgtg cccgtcagca gcttcatcac ccagtacagc 1980

accgggcagg tcaccgtgga gatggagtgg gagctcaaga aggaaaactc caagaggtgg 2040

aacccagaga tccagtacac aaacaactac aacgaccccc agtttgtgga ctttgccccg 2100

gacagcaccg gggaatacag aaccaccaga cctatcggaa cccgatacct tacccgaccc 2160

ctttaaccca ttcatgtcgc ataccctcaa taaa 2194

<210> 1189

<211> 721

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1189

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val
530 535 540
Met Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr
545 550 555 560
Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser Thr Thr Ala
565 570 575
Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro Gly Ser Val
580 585 590

Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
595 600 605
Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe
610 615 620
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
625 630 635 640

Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser Phe Ile
645 650 655

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu
660 665 670

Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn
675 680 685

Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser Thr Gly
690 695 700

Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
705 710 715 720

Leu

<210> 1190

<211> 519

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1190

Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
1 5 10 15

Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro
20 25 30

Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly
35 40 45

Gly Ala Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly
50 55 60

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp
65 70 75 80

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser
85 90 95

Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly

100 105 110

Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr

115 120 125

Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly

130 135 140

Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly

145 150 155 160

Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe

165 170 175

Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn

180 185 190

Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr

195 200 205

Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln

210 215 220

Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn

225 230 235 240

Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn

245 250 255

Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val

260 265 270

Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala

275 280 285

Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly

290 295 300

Ile Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser

305 310 315 320

Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala

325 330 335

Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr

340 345 350

Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln

355 360 365

Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala

370 375 380

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

385 390 395 400

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro

405 410 415

Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

420 425 430

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser

435 440 445

Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val

450 455 460

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro

465 470 475 480

Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe

485 490 495

Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

500 505 510

Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

515

<210> 1191

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1191

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 1192

<211> 725

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1192

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg
130 135 140

Ile Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp
145 150 155 160

Ser Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser
165 170 175

Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp
180 185 190

Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly
195 200 205
Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr

210 215 220
Trp Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu
225 230 235 240
Pro Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val
245 250 255
Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly
260 265 270
Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp

275 280 285
Gln Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg
290 295 300
Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser
305 310 315 320
Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr
325 330 335
Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly

340 345 350
Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly
355 360 365
Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser
370 375 380
Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser

405 410 415
Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val

435 440 445

Gln Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn

450 455 460

Trp Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser

465 470 475 480

Gly Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met

485 490 495

Glu Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met

500 505 510

Thr Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met

515 520 525

Ile Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu

530 535 540

Glu Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn

545 550 555 560

Arg Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser

565 570 575

Ser Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val

580 585 590

Pro Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile

595 600 605

Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala

610 615 620

Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys

625 630 635 640

Asn Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val

645 650 655

Ser Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met

660 665 670

Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile

675 680 685

Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro
690 695 700
Asp Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr
705 710 715 720
Leu Thr Arg Pro Leu
725

<210
> 1193
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 1193
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1194
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1194
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly Lys
145 150 155 160
Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly
165 170 175
Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala
180 185 190

Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala
195 200 205
Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser
210 215 220
Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr
225 230 235 240
Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr
245 250 255

Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr Phe
260 265 270
Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys
275 280 285
His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly
290 295 300
Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys
305 310 315 320

Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr
325 330 335
Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val

340 345 350

Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val

355 360 365

Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln

370 375 380

Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln

385 390 395 400

Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp

405 410 415

Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu

420 425 430

Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr Gln

435 440 445

Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr Thr

580 585 590

Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1195

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1195

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1196
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1196

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1197

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1197

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Ser Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1198

<211> 3695

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1198

ctctttgcgc ttgcgttttc ccttgtccag atagcccagt agctgacatt catccggggt 60

cagcaccgtt tctgcggact ggctttctac gtgaaaagga tctaggtgaa gatccttttt 120

gataatctca tgcctgacat ttatattccc cagaacatca ggttaatggc gtttttgatg 180

tcattttcgc ggtggctgag atcagccact tcttccccga taacggagac cggcacactg 240

gccatatcgg tggtcatcat gcgccagctt tcatccccga tatgcaccac cgggtaaagt 300

tcacgggaga ctttatctga cagcagacgt gcactggcca gggggatcac catccgtcgc 360

cccggcgtgt caataatatc actctgtaca tccacaaaca gacgataacg gctctctctt 420

ttataggtgt aaaccttaaa ctgccgtacg tataggctgc gcaactgttg ggaagggcga 480

tcggtgcggg cctcttcgct attacgccag ctggcgaaag ggggatgtgc tgcaaggcga 540

ttaagttggg taacgccagg gttttcccag tcacgacgtt gtaaaacgac ggccagtgaa 600

ttgtaatacg actcactata gggcgaattg aatttagcgg ccgcgaattc gcccttatga 660

tatctggtgg gaggagggca agatgacggc caaggtcgtg gagtccgcca aggccattct 720

cggcggcagc aaagtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtcg tccgcccaga tcgatcccac 780

tcccgtcatt gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga acagcaccac 840

cttcgagcac cagcagccgt tgcaggaccg gatgttcaaa tttgaactta cccgccgtct 900

ggagcatgac tttggcaagg tgacaaagca ggaagtcaaa gagttcttcc gctgggcgca 960

ggatcacgtg accgaggtgg cgcatgagtt ccacgtcaga aagggtggag ccaacaagag 1020

acccgccccc gatgacgctg ataaaagcga gcccaagcgg gcctgcccct cagtcgcaga 1080

tccatcgacg tcagacgcgg aaggagctcc ggtggacttt gccgacaggt accaaaacaa 1140

atgttctcgt cacgcgggca tgcttcagat gctgtttccc tgcaagacat gcgagagaat 1200

gaatcagaat ttcaacattt gcttcacgca cgggaccagg gactgttcgg agtgcttccc 1260

cggcgtgtca gaatctcaac cggtcgtcag aaaaaggacg tatcggaaac tctgtgccat 1320

tcatcatctg ctggggaggg ctcccgagat tgcttgctcg gcctgcgatc tggtcaacgt 1380

ggacctggat gactgtgtct ctgagcaata aatgacttaa accaggtatg gctgccgatg 1440

gttatcttcc agattggctc gaggacaacc tctctgaggg cattcgcgag tggtgggact 1500

tgaaacctgg agccccgaaa cccaaagcca accagcaaaa gcaggacgac ggccggggtc 1560

tggtgcttcc tggctacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggggagcccg 1620

tcaacgcggc ggacgcagcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag cagctcaaag 1680

cgggtgacaa tccgtacctg cggtataacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtctgc 1740

aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc aagaagcggg 1800

ttctcgaacc tctcggtctg gttgaggaag gcgctaagac ggctcctgga aagaagagac 1860

cggtagagca gtcaccccaa gaaccagact cctcatcggg catcggcaag acaggccagc 1920

agcccgctaa aaagagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca gtccccgacc 1980

cacaacctct cggagaacct ccagcagccc cctcaggtct gggacctaat acaatggctt 2040

caggcggtgg cgctccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg ggtaattcct 2100

cgggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggggacag agtcatcacc accagcaccc 2160

gaacctgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc aacggcacct 2220

cgggaggaag caccaacgac aacacctact ttggctacag cacccctgg gggtattttg 2280

acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca 2340

attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag gtcaaggaag 2400

tcacgacgaa cgaaggcacc aagaccatcg ccaataatct caccagcacc gtgcaggtct 2460

ttacggactc ggagtaccag ctaccgtacg tgctaggatc agctcaccag ggatgtctgc 2520

ctccgttccc ggcggacgtc ttcatggttc ctcagtacgg ttatctaact ctgaacaatg 2580

gcagccaggc cctgggacgt tcctccttct actgcctgga gtatttccca tcgcagatgc 2640

tgagaaccgg caacaacttt cagttcagct acaccttcga ggacgtgcct ttccacagca 2700

gctacgcgca cagccaaagc ctggacaggc tgatgaatcc cctcatcgac cagtacctgt 2760

attacctggt cagaacgcag acaaccggga ctggagggac gcagactctg gcattcagcc 2820

aagcaggccc tagctcaatg gccagccagg ctagaaactg ggtgcccgga ccgagctacc 2880

ggcagcagcg cgtctccacg acaaccaacc agaacaacaa cagcaacttt gcctggacgg 2940

gagctgccaa atttaaactg aacggccgag actctctaat gaaccccggc gtggccatgg 3000

cttcacacaa ggatgacgag gaccgcttct tcccttctag cggggtcctg attttcggca 3060

agcaaggagc cgggaatgat ggagtggatt acagccaagt gctgattaca gatgaggaag 3120

aaatcaaggc taccaacccc gtggcaacag aggaatatgg agcagtggcc atcaacaacc 3180

aggccgctaa tacgcaggcg cagaccggac tcgtgcacaa ccaggggggtg attcccggca 3240

tggtgtggca gaacagagac gtgtacctgc agggtcccat ctgggccaaa attcctcaca 3300

cggacggcaa ctttcacccg tctcccctga tgggcggctt tggactgaag cacccgcctc 3360

ctcaaattct catcaagaac acaccggttc cagcggaccc gccgcttacc ttcaaccagg 3420

ccaagctgaa ctctttcatc acgcagtaca gcaccggaca ggtcagcgtg gaaatcgagt 3480

gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatccaga gattcagtac acttccaact 3540

actacaaatc tacaaatgtg gactttgctg tcaacacgga aggagtgtat agcgagcctc 3600

gccccattgg cacccgttac ctcacccgca acctgtaatt gcctgttaat caataaaccg 3660

gttaattcgt ttcagtaagg aagaattcgt ttaaa 3695

<210> 1199

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1199

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1200

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1200

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

```
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
            260                 265                 270
```

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Ser Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1201

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1201

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 1202
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1202
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1203

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1203

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Val Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Val Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1204
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<220><221> VARIANT
<222> (168)..(168)
<223> /replace="Arg"
<220><221> VARIANT
<222> (204)..(204)
<223> /replace="Ser"
<220><221> VARIANT
<222> (266)..(266)

<223> /replace="Gly"

<220><221> VARIANT

<222> (311)..(311)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (411)..(411)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (460)..(460)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (493)..(493)

<223> /replace="Thr"

<220><221> VARIANT

<222> (562)..(562)

<223> /replace="Asn"

<220><221> VARIANT

<222> (576)..(576)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (587)..(587)

<223> /replace="Ala"

<220><221> VARIANT

<222> (609)..(609)

<223> /replace="Asp

<220><221> SITE

<222> (1)..(736)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 1204

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Thr Asn Asp Asn Thr

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1205

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (502)..(504)

<223> /replace="aaa"

<220><221>

variation

<222> (610)..(612)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (796)..(798)

<223> /replace="ggc"

<220><221> variation

<222> (931)..(933)

<223> /replace="aag"

<220><221> variation

<222> (1231)..(1233)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1378)..(1380)

<223> /replace="gag"

<220><221> variation

<222> (1477)..(1479)

<223> /replace="acc"

<220><221> variation

<222> (1684)..(1686)

<223> /replace="aac"

<220><221> variation

<222> (1726)..(1728)

<223> /replace="gag"

<220><221> variation

<222> (1759)..(1761)

<223> /replace="gcc"

<220><221> variation

<222> (1825)..(1827)

<223> /replace="gac"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2208)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1205

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcaatcaccc caggaaccag actcctcttc gggcatcggc 480

aagaaaggcc agcagcccgc gaagaagaga ctcaactttg ggcagacagg cgactcagag 540

tcagtgcccg accctcaacc actcggagaa ccccccgcag ccccctctgg tgtgggatct 600

aatacaatgg cagcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaacg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctcccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat cgggagcaag caccaacgac aacacctact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcacc acgaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatgattc ctcagtacgg gtacctgact 1140

ctgaacaatg gcagtcaggc cgtgggccgt tcctccttct actgcctgga gtactttcct 1200

tctcaaatgc tgagaacggg caacaacttt gagttcagct acacgtttga ggacgtgcct 1260

tttcacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaaccc cctcatcgac 1320

cagtacctgt actacctgtc tcggactcag accacgagtg gtaccgcagg aaatcggacg 1380

ttgcaatttt ctcaggccgg gcctagtagc atggcgaatc aggccaaaaa ctggctaccc 1440
gggccctgct accggcagca acgcgtctcc aagacagcga atcaaaataa caacagcaac 1500
tttgcctgga ccggtgccac caagtatcat ctgaatggca gagactctct ggtaaatccc 1560
ggtcccgcta tggcaaccca caaggacgac gaagacaaat tttttccgat gagcggagtc 1620
ttaatatttg ggaaacaggg agctggaaat agcaacgtgg accttgacaa cgttatgata 1680
accagtgagg aagaaattaa aaccaccaac ccagtggcca cagaacagta cggcacggtg 1740
gccactaacc tgcaatcgtc aaacaccgct cctgctacag ggaccgtcaa cagtcaagga 1800

gccttacctg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc tatctgggcc 1860
aagattcctc acacggacgg acactttcat ccctcgccgc tgatgggagg ctttggactg 1920
aaacacccgc ctcctcagat cctgattaag aatacacctg ttcccgcgaa tcctccaact 1980
accttcagtc cagctaagtt tgcgtcgttc atcacgcagt acagcaccgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaaccc agagattcaa 2100
tacacttcca actacaacaa atctacaaat gtggactttg ctgttgacac aaatggcgtt 2160
tattctgagc ctcgccccat cggcacccgt tacctcaccc gtaatctg 2208

<210> 1206
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<220><221> VARIANT
<222> (157)..(157)
<223> /replace="Ser"
<220><221> VARIANT
<222> (168)..(168)
<223> /replace="Arg"
<220><221> VARIANT
<222> (262)..(262)
<223> /replace="Ser"
<220><221> VARIANT

<222> (263)..(263)

<223> /replace="His"

<220><221> VARIANT

<222> (312)..(312)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (412)..(412)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (460)..(460)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (461)..(461)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (552)..(552)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (556)..(556)

<223> /replace="Tyr"

<220><221> VARIANT

<222> (557)..(557)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (563)..(563)

<223> /replace="Asn"

<220><221> VARIANT

<222> (580)..(580)

<223> /replace="Ile"

<220><221> VARIANT

<222> (588)..(588)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (664)..(664)

<223> /replace="Thr

<220><221> SITE

<222> (1)..(737)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations for variant positions"

<400> 1206

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe
450 455 460

Ser Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560

Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Val Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Asn Asn Thr Ala Pro
580 585 590

Gln Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 1207

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (469)..(471)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (502)..(504)

<223> /replace="aag"

<220><221> variation

<222> (784)..(786)

<223> /replace="agt"

<220><221> variation

<222> (787)..(789)

<223> /replace="cac"

<220><221> variation

<222> (934)..(936)

<223> /replace="aag"

<220><221> variation

<222> (1234)..(1236)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1378)..(1380)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1381)..(1383)

<223> /replace="gag"

<220><221> variation

<222> (1654)..(1656)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (1666)..(1668)

<223> /replace="tac"

<220><221> variation

<222> (1669)..(1671)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (1687)..(1689)

<223> /replace="aac"

<220><221> variation

<222> (1738)..(1740)

<223> /replace="atc"

<220><221> variation

<222> (1762)..(1764)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (1990)..(1992)

<223> /replace="acc"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2211)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1207

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga gcaatcaccc caggaaccag actcctctac gggcatcggc 480
aagaaaggcc agcagcccgc gaaaaagaga ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag 540

tcagtgcccg accctcaacc actcggagaa ccccccgcag ccccctctgg tgtgggatct 600
aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctcccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tccaacagcc aatcgggagg aagcaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgac gaatgatggc accacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggttcagg tctttacgga ctcggaatac cagctcccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cgggtacctg 1140
actctgaaca atggcagtca ggccgtgggc cgttcctcct tctactgcct ggagtacttt 1200
ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacacgtt tgaggacgtg 1260
ccttttcaca gcagctacgc gcacagccaa agcctggacc ggctgatgaa ccccctcatc 1320
gaccagtacc tgtactacct gtctcggact cagaccacgg gaggtaccgc aggaaatcgg 1380

acgttgcaat tttctcaggc cgggcctagt agcatggcga atcaggccaa aaactggcta 1440
cccgggccct gctaccggca gcaacgcgtc tccaagacaa cgaatcaaaa taacaacagc 1500
aactttgcct ggaccggtgc caccaagtat catctgaatg gcagagactc tctggtaaat 1560
cccggtgtcg ctatggcaac ccacaaggac gacgaagacc gatttttcc gtccagcgga 1620
gtcttaatat ttgggaaaca gggagctgga aatgacaacg tggaccttga caacgttatg 1680
ataaccagtg aggaagaaat taaaaccacc aacccagtgg ccacagaaga gtacggcgtg 1740
gtggccacta acctgcaatc ggcaaacacc gctcctcaaa cagggaccgt caacagtcaa 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcctatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggaaacttt catccctcgc cgctgatggg aggctttgga 1920

ctgaaacacc cgcctcctca gatcctgatt aagaatacac ctgttcccgc gaatcctcca 1980

actaccttca gtccagctaa gtttgcgtcg ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa cccagagatt 2100

caatacactt ccaactacaa caaatctaca aatgtggact ttgctgttga cacagaaggc 2160

gtttattctg agcctcgccc catcggcacc cgttacctca cccgtaatct g 2211

<210> 1208

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (158)..(158)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (169)..(169)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (564)..(564)

<223> /replace="Asn

<220><221> SITE

<222> (1)..(738)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 1208

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Arg Glu Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Thr Leu Gln

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Val Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 1209
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (472)..(474)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (505)..(507)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (1690)..(1692)

<223> /replace="aac"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2214)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1209

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcagtcacca cagcgtgagc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccaaaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

tctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gacgaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccgtcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aactttcaat tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagacta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagacgttgc agttttctca ggccgggcct agcagcatgg cgaatcaggc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga caacgaatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcgtcctca tatttggcaa gcagggagct ggaaatgaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgataacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga agagtatggc 1740

gtggtggcta ctaacctaca gtcggcaaac accgctcctc aaacggggac cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 1210

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (158)..(158)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (169)..(169)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (315)..(315)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (413)..(413)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (472)..(472)

<223> /replace="Thr" or "Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (534)..(534)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (542)..(542)

<223> /replace="Val"

<220><221> VARIANT

<222> (595)..(595)

<223> /replace="Val

<220><221> SITE

<222> (1)..(738)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1210

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Arg Glu Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Thr Leu Gln
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Ile
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 1211
<211> 2214
<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (472)..(474)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (505)..(507)

<223> /replace="aag"

<220><221> variation

<222> (943)..(945)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (1237)..(1239)

<223> /replace="gaa"

<220><221> variation

<222> (1414)..(1416)

<223>

/replace="acc" or "agc"

<220><221> variation

<222> (1600)..(1602)

<223> /replace="gag"

<220><221> variation

<222> (1624)..(1626)

<223> /replace="gtc"

<220><221> variation

<222> (1783)..(1785)

<223> /replace="gta"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2214)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1211

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcagtcacca cagcgtgagc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

tctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aactttcaat tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagacta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagacgttgc agttttctca ggccgggcct agcaacatgg cgaatcaggc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga caacgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tatttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga agagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctcctc aaatagggac cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 1212

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (169)..(169)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (315)..(315)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (534)..(534)

<223> /replace="Glu"

<220><221> VARIANT

<222> (542)..(542)

<223> /replace="Val

<220><221>

SITE

<222> (1)..(738)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1212

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 1213

<211> 2214

<

212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (505)..(507)

<223> /replace="aaa"

<220><221> variation

<222> (943)..(945)

<223> /replace="agc"

<220><221> variation

<222> (1600)..(1602)

<223> /replace="gag"

<220><221> variation

<222> (1624)..(1626)

<223> /replace="gtc"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2214)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 1213

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aactttgagt tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 1214

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (471)..(471)

<223> /replace="Asn

<220><221> SITE

<222> (1)..(738)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1214

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 1215

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (1411)..(1413)

<223> /replace="aat"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2214)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations for variant positions"

<400> 1215

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaacccccg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacttcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaatggcag tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgctgag aacgggcaac aactttgagt tcagctacac gtttgaggac 1260

gtgccttttc acagcagcta cgcgcacagc caaagcctgg accggctgat gaaccccctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct agtaacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440

ctacccgggc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca aaataacaac 1500

agcaactttg cctggaccgg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta 1560

aatcccggtg tcgctatggc aacccacaag gacgacgaag agcgattttt tccgtccagc 1620

ggagtcttaa tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gtgaggaaga aattaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac accgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggaaac tttcatccct cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaaac acccgcctcc tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccaactacct tcagtcaagc taagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaagaaaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcaataca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taacacagaa 2160

ggcacttatt ctgagcctcg ccccatcggc acccgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 1216

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (148)..(148)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (169)..(169)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (314)..(314)

<223> /replace="Asn"

<220><221> VARIANT

<222> (466)..(466)

<223> /replace="His"

<220><221> VARIANT

<222> (563)..(563)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (580)..(580)

<223> /replace="Ile"

<220><221> VARIANT

<222> (588)..(588)

<223> /replace="Ser

<220><221> SITE

<222> (1)..(737)

<

223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1216

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Asp Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 1217

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (442)..(444)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (505)..(507)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (940)..(942)

<223> /replace="aac"

<220><221> variation

<222> (1396)..(1398)

<223> /replace="cac"

<220><221> variation

<222> (1687)..(1689)

<223> /replace="agt"

<220><221> variation

<222> (1738)..(1740)

<223> /replace="ata"

<220><221> variation

<222> (1762)..(1764)

<223> /replace="tct"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2211)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1217

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtcattt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccaaaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

attaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc aaagtgcagg tagtaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctgc ggttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gttacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tattctcgga ctcggaatac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca atggcagtca gtctgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200

ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtact tgtactacct ggccagaaca cagagtacca caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca ggccgggcct tcaactatgg ccgaacaagc caagaattgg 1440

ttacctggac cttgctaccg gcaacaaaga gtctccaaaa cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcgttggtt 1560

aatcccggcg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaacaaaa ctacattgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaagaaat taaaactact aatcctgtag ccacggaaga atacggggta 1740

gtcagcagca acttacaatc ggctaatact gcaccccaga cacaaactgt caacagccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga tggcaacttt cacccgtctc ctttgatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatcctgatc aagaacactc ccgttcccgc taatcctccg 1980

gaggtgttta ctcctgccaa gtttgcttcg ttcatcacac agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatt 2100

cagtacacct ccaactatga taagtcgact aatgtggact ttgccgttga cagcgagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc tattggcact cgttacctca cccgtaatct g 2211

<210> 1218

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (162)..(162)

<223> /replace="Thr"

<220><221> VARIANT

<222> (168)..(168)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (224)..(224)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (310)..(310)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (410)..(410)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (446)..(446)

<223> /replace="Asn"

<220><221> VARIANT

<222> (461)..(461)

<223> /replace="Leu"

<220><221> VARIANT

<222> (471)..(471)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (708)..(708)

<223> /replace="Thr

<220><221> SITE

<222> (1)..(735)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1218

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gln Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ala Gly Ala Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1219

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (484)..(486)

<223> /replace="aca"

<220><221> variation

<222> (502)..(504)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (670)..(672)

<223> /replace="tcc"

<220><221> variation

<222> (928)..(930)

<223> /replace="aaa"

<220><221> variation

<222> (1228)..(1230)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1336)..(1338)

<223> /replace="aac"

<220

><221> variation

<222> (1381)..(1383)

<223> /replace="ctg"

<220><221> variation

<222> (1411)..(1413)

<223> /replace="tct"

<220><221> variation

<222> (2122)..(2124)

<223> /replace="acc"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2205)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1219

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctcttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagtcaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcag ccccctctgg tgtgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtcaat caggggccag caacgacaac cactacttcg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgatt tcaacagatt ccactgccat ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaatt ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctcttcaa catccaagtc 960

aaggaggtca cgacgaatga tggcaccacg accatcgcta ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtcttca cggactcgga gtaccagttg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc 1080

tgcctccctc cgttcccggc ggacgtgttc atgattccgc agtacggcta cctaacgctc 1140

aacaatggca gccaggcagt gggacggtca tccttttact gcctggaata tttcccatcg 1200

cagatgctga gaacgggcaa taactttacc ttcagctaca ccttcgagga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgcgcacag ccagagcctg gaccggctga tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acctgagcag aactcagact acgtccggaa ctgcccaaaa cagggagttg 1380

cagtttagcc aggcgggtcc atctagcatg gctaatcagg ccaaaaactg gctacctgga 1440

ccctgttacc ggcagcagcg cgtttctaaa acagcaaatg acaacaacaa cagcaacttt 1500

gcctggactg gtgctacaaa atatcacctt aatgggcgtg attctttagt caaccctggc 1560

cctgctatgg cctcacacaa agacgacgaa gacaagttct ttcccatgag cggtgtcttg 1620

atttttggaa agcagggcgc cggagcttca aacgttgatt tggacaatgt catgatcaca 1680

gacgaagagg aaatcaaaac cactaacccc gtggccaccg aacaatatgg gactgtggca 1740

accaatctcc agagcagcaa cacagcccct gcgaccggaa ctgtgaattc tcagggagcc 1800

ttacctggaa tggtgtggca agacagagac gtatacctgc agggtcctat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggatggaca ctttcacccg tctcctctca tgggcggctt tggacttaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccgacaacg 1980

ttttcgcctg caaagtttgc ttcattcatc acccagtatt ccacaggaca agtgagcgtg 2040

gagattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatcccga aatacagtat 2100

acatctaact ataataaatc tgccaacgtt gatttcactg tggacaccaa tggagtttat 2160

agtgagcctc gccccattgg cacccgttac ctcacccgta acctg 2205

<210> 1220

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> VARIANT

<222> (42)..(42)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (168)..(168)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (310)..(310)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (410)..(410)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (446)..(446)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222

> (461)..(461)

<223> /replace="Leu"

<220><221> VARIANT

<222> (471)..(471)

<223> /replace="Ser"

<220><221> VARIANT

<222> (475)..(475)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (504)..(504)

<223> /replace="Ala"

<220><221> VARIANT

<222> (539)..(539)

<223> /replace="Asn

<220><221> SITE

<222> (1)..(735)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1220

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Gln Thr Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460
Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Gly Ala Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala Thr

580 585 590
Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655
Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1221

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (124)..(126)

<223> /replace="agt"

<220><221> variation

<222> (502)..(504)

<223> /replace="aaa"

<220><221> variation

<222> (928)..(930)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (1228)..(1230)

<223> /replace="cag"

<220><221> variation

<222> (1336)..(1338)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (1381)..(1383)

<223> /replace="ctc"

<220><221> variation

<222> (1411)..(1413)

<223> /replace="tct"

<220><221> variation

<222> (1423)..(1425)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (1510)..(1512)

<223> /replace="gcg"

<220><221> variation

<222> (1615)..(1617)

<223> /replace="gac"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2205)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1221

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg atctgaaacc tggagcccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gacggtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccttaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga acagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtattggc 480

aaatcgggcc aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg agactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag ccccctcagg tgtgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcaacttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atgatccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttcaca ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgagcag aacgcaaaca acctctggaa caacccaaca atcacggctg 1380

caatttagcc aggctgggcc ttcgtctatg gctcagcagg ccaaaaattg gctacctggg 1440

ccctgctacc ggcaacagag agtttcaaag actgctaacg acaacaacaa cagtaacttt 1500

gcttggacag gggccaccaa atatcatctc aatggccgcg actcgctggt gaatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggacgatgaa gaaaaatttt tccctatgca cggcgttcta 1620

atatttggca aacaagggac aggggcaagt aacgtagatt tagataatgt aatgattacg 1680

gatgaagaag agattcgtac caccaatcct gtggcaacag agcagtatgg aactgtggca 1740

actaacttgc agagctcaaa tacagctccc gcgactggaa ctgtcaatag tcagggggcc 1800

ttacctggca tggtgtggca agatcgtgac gtgtaccttc aaggacctat ctgggcaaag 1860

attcctcaca cggatggaca ctttcatcct tctcctctga tgggaggctt tggactgaaa 1920

catccgcctc ctcaaatctt gatcaaaaat actccggtac cggcaaatcc tccgacgact 1980

ttcagcccgg ccaagtttgc ttcatttatc actcagtact ccactggaca ggtcagcgtg 2040

gaaattgagt gggagctaca gaaagaaaac agcaaacgtt ggaatccaga gattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tagacactaa tggtgtttat 2160

agtgaacctc gccctattgg aacccggtat ctcacacgaa acttg 2205

<210> 1222

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1222

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1223

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1223

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1224

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1224

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1225

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1225

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1226

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1226

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1227

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1227

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1228

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1228

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Thr Leu Gln Phe Ser

```
    450                 455                 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
    530                 535                 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile
545                 550                 555                 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
                565                 570                 575
Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Ala
            580                 585                 590
Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
        595                 600                 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
            660                 665                 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1229
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1229
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Ser Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Thr Asn Leu Gln Ser Ala Asn Thr Ala Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1230

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1230

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gcaatcaccc caggaaccag actcctcttc gggcatcggc 480

aagaaaggcc agcagcccgc gaaaaagaga ctcaactttg ggcagacagg cgactcagag 540

tcagtgcccg accctcaacc actcggagaa ccccccgcag ccccctctgg tgtgggatct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaacg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctcccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat cgggagcaag caccaacgac aacacctact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcacc acgaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatgattc ctcagtacgg gtacctgact 1140

ctgaacaatg gcagtcaggc cgtgggccgt tcctccttct actgcctgga gtactttcct 1200

tctcaaatgc tgagaacggg caacaacttt gagttcagct acacgtttga ggacgtgcct 1260

tttcacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaaccc cctcatcgac 1320

cagtacctgt actacctgtc tcggactcag accacgagtg gtaccgcagg aaatcggacg 1380

ttgcaatttt ctcaggccgg gcctagtagc atggcgaatc aggccaaaaa ctggctaccc 1440

gggccctgct accggcagca acgcgtctcc aagacagcga atcaaaataa caacagcaac 1500

tttgcctgga ccggtgccac caagtatcat ctgaatggca gagactctct ggtaaatccc 1560

ggtcccgcta tggcaaccca caaggacgac gaagacaaat tttttccgat gagcggagtc 1620

ttaatatttg ggaaacaggg agctggaaat agcaacgtgg accttgacaa cgttatgata 1680

accagtgagg aagaaattaa aaccaccaac ccagtggcca cagaacagta cggcacggtg 1740

gccactaacc tgcaatcgtc aaacaccgct cctgctacag ggaccgtcaa cagtcaagga 1800

gccttacctg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc tatctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg acactttcat ccctcgccgc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacacccgc ctcctcagat cctgattaag aatacacctg ttcccgcgaa tcctccaact 1980

accttcagtc cagctaagtt tgcgtcgttc atcacgcagt acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaaccc agagattcaa 2100

tacacttcca actacaacaa atctacaaat gtggactttg ctgttgacac aaatggcgtt 2160

tattctgagc ctcgccccat cggcacccgt tacctcaccc gtaatctgta a 2211

<210> 1231

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1231

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 1232

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1232

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 1233
<211> 738
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<220><221> VARIANT
<222> (157)..(157)
<223> /replace="Thr"
<220><221> VARIANT
<222> (169)..(169)
<223> /replace="Arg"
<220><221> VARIANT
<222> (457)..(457)
<223> /replace="Gly"
<220><221> VARIANT
<222> (463)..(463)
<223> /replace="Ala"
<220><221> VARIANT
<222> (508)..(508)
<223> /replace="Ala"

<220><221> VARIANT

<222> (510)..(510)

<223> /replace="Phe"

<220><221> VARIANT

<222> (511)..(511)

<223> /replace="Lys"

<220><221> VARIANT

<222> (558)..(558)

<223> /replace="Asn"

<220><221> VARIANT

<222> (585)..(585)

<223> /replace="His"

<220><221> VARIANT

<222> (587)..(587)

<223> /replace="Ala

<220><221> SITE

<222> (1)..(738)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1233

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Leu Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Ala Gly Thr Gln Thr Leu Gln Phe
450 455 460
Ser Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Asn Val Asp Tyr Ser Gln Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Ala Val Ala Thr Asn Asn Gln Ser Leu Ala Asn Thr Gln
580 585 590
Ala Gln Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 1234

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> variation

<222> (469)..(471)

<223> /replace="acg"

<220><221> variation

<222> (502)..(504)

<223> /replace="aga"

<220><221> variation

<222> (1366)..(1368)

<223> /replace="gga"

<220><221> variation

<222> (1384)..(1386)

<223> /replace="gca"

<220><221> variation

<222> (1519)..(1521)

<223> /replace="gcc"

<220><221> variation

<222> (1525)..(1527)

<223> /replace="ttt"

<220><221> variation

<222> (1528)..(1530)

<223> /replace="aaa"

<220><221> variation

<222> (1669)..(1671)

<223> /replace="aac"

<220><221> variation

<222> (1750)..(1752)

<223> /replace="cac"

<220><221> variation

<222> (1756)..(1758)

<223> /replace="gcc"

<220><221> misc_feature

<222> (1)..(2211)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1234

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcag ccccctcagg tgtgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacggca cctcgggagg aagcaccaac gacaacacct attttggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcactttt caccacgtga ctggcaacga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aaaagactca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aagtcacgac gaacgaaggc accaagacca tcgccaataa tctcaccagc 1020

accgtgcagg tctttacgga ctcggagtac cagttaccgt acgtgctagg atccgctcac 1080

cagggatgtc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctattta 1140

actttaaaca atggaagcca agccgtggga cgttcctcct tctactgtct ggagtatttc 1200

ccatcgcaga tgctgagaac cggcaacaac tttcagttca gctacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcctggaca ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtacc tgtactacct gtccagaacg caaacgactg gaactgcagg gacgcagact 1380

ctgcaattca gccaagcggg tcctagctca atggccaacc aggctagaaa ttgggtgccc 1440

ggaccttgct accggcagca gcgcgtctcc acgacaacca accagaacaa caacagcaac 1500

tttgcctgga cgggagctac caagtatcac ctgaacggcc gagactctct aatgaatccg 1560

ggcgtggcaa tggcttccca caaggatgac gaggaccgct tcttcccttc gagcggggtc 1620

ctgatttttg gcaagcaagg agccgggaac gataatgtgg attacagcca agtgatgatt 1680

acaaatgagg aagaaatcaa gactaccaac cccgtggcca cagaagaata tggagcagtg 1740

gccaccaaca accagtccgc caatacgcag gcgcagaccg gactcgtgca caaccagggg 1800

gtgcttcccg gcatggtgtg gcagaataga gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccgtctcccc tgatgggcgg ctttggactg 1920

aagcacccgc ctcctcaaat tctcatcaag aacacaccgg ttccagcgga cccgccgact 1980

accttcaacc aggccaagct gaactctttc atcacgcagt acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaatcg agtgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc agagattcaa 2100

tacacttcca actactacaa atctacaaat gtggactttg ctgtcaacac ggagggggtt 2160

tatagcgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gcaacctgta a 2211

<210> 1235

<211> 733

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1235

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190
Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr
245 250 255
Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala
370 375 380
Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met
405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn
435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe
450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln
465 470 475 480

Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly
485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser
515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu
545 550 555 560

Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly
610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala
645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 1236

<211> 4472

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1236

ctccatcact aggggtaacc gcgaagcgcc tcccacgctg ccgcgtcagc gctgacgtaa 60

attacgtcat aggggagtgg tcctgtatta gctgtcacgt gagtgctttt gcgacatttt 120

gcgacaccac gtggccattc atggtatata tggccgagtg agcgagcagg atctccattt 180

tgaccgcgaa atttgaacga gcagcagcca tgccgggctt ctacgagatc gtgcttaagg 240

tgccgagcga cctggacgag cacctgccgg gcatttctga ctcgtttgtg aactgggtgg 300

cagagaagga atgggagctg cccccggatt ctgacatgga tcggaatctg attgagcagg 360

cacccctgac cgtggccgag aagctacagc gcgacttcct ggtccaatgg cgccgcgtga 420

gtaaggcccc ggaggccctc ttctttgttc agttcgagaa gggcgagtcc tacttccacc 480

tccatattct ggtagagacc acgggggtca aatccatggt gctgggccgc ttcctgagtc 540

agattcggga caagctggtg cagaccatct accgcgggat cgagccgacc ctgcccaact 600

ggttcgcggt gacaaagacg cgtaatggcg ccggaggggg gaacaaggtg gtggacgagt 660

gctacatccc caactacctg ctgcccaaga ctcagcccga gctgcagtgg gcgtggacta 720

acatggagga gtatataagc gcgtgcttga acctggccga gcgcaaacgg ctcgtggcgc 780

agcacctgac ccacgtcagc cagacccagg agcagaacaa ggagaatctg aacccgaatt 840

ctgacgcgcc tgtcatccgg tcaaaaacct ccgcgcgcta catggagctg gtcgggtggc 900

tggtggaccg gggcatcacc tccgagaagc agtggatcca ggaggaccag gcctcgtaca 960

tctccttcaa cgccgcctcc aactcgcggt ctcagatcaa ggccgcgctg gacaatgccg 1020

gcaagatcat ggcgctgacc aaatccgcgc ccgactacct ggtaggcccc gctctgcccg 1080

cggacattaa atccaaccgc atctaccgca tcctggagct gaatggctac gaccctgcct 1140

acgccggttc cgtctttctc ggctgggccc agaaaaagtt tggcaaaagg aacaccatct 1200

ggctgtttgg gccggccacc acgggcaaga ccaacatcgc ggaagccatc gcccacgccg 1260

tgcccttcta cggctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 1320

acaagatggt gatctggtgg gaggagggca agatgacggc caaggtcgtg gagtccgcca 1380

aggccattct cggcggcagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtcg tccgcccaga 1440

tcgatcccac ccccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga 1500

acagcaccac cttcgagcac cagcagccgt tgcaggaccg gatgttcaaa tttgaactta 1560

cccgccgtct ggagcacgac tttggcaagg tgacaaagca ggaagtcaaa gagttcttcc 1620

gctgggcgca ggatcacgtg accgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggtggag 1680

ctaacaaaag acccgccccc gatgacgcgg atataagcga gcccaagcgg gcctgcccct 1740

cagtcgcgga tccatcgacg tcagacgcgg aaggagctcc ggtggacttt gccgacaggt 1800

accaaaacaa atgttctcgt cacgcgggca tgcttcagat gctgtttccc tgcaaaacat 1860

gcgagagaat gaatcagaat ttcaacattt gcttcacgca cgggaccaga gactgttcag 1920

aatgtttccc tggcgtgtca gaatctcaac cggtcgtcag aaaaaagacg tatcggaaac 1980

tctgtgcgat tcatcatctg ctggggcggg cacccgagat tgcttgctcg gcctgcgacc 2040

tggtcaacgt ggacctggat gactgtgttt ctgagcaata aatgacttaa accaggtatg 2100

gctgccgatg gttatcttcc agattggctc gaggacaacc tctctgaggg cattcgcgag 2160

tggtgggacc tgaaacctgg agccccgaaa cccaaagcca accagcaaaa gcaggacaac 2220

ggccggggtc tggtgcttcc tggctacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag 2280

ggggagcccg tcaacgcggc ggacgcagcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 2340

cagctccaag cgggtgacaa tccgtacctg cggtataatc acgccgacgc cgagtttcag 2400

gagcgtctgc aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg ggcgcgcagt cttccaggcc 2460

aaaaagcggg ttctcgaacc tctgggcctg gttgaatcgc cggttaagac ggctcctgga 2520

aagaagagac cggtagagcc atcaccccag cgctctccag actcctctac gggcatcggc 2580

aagaaaggcc agcagcccgc aaaaaagaga ctcaattttg ggcagactgg cgactcagag 2640

tcagtccccg accctcaacc aatcggagaa ccaccagcag gcccctctgg tctgggatct 2700

ggtacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 2760

gtgggtagtt cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 2820

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 2880

tccaacggga cctcgggagg aagcaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 2940

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 3000

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaggctca acttcaagct cttcaacatc 3060

caagtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa ccttaccagc 3120

acgattcagg tctttacgga ctcggaatac cagctcccgt acgtgctcgg ctcggcgcac 3180

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cgggtacctg 3240

actctgaaca atggcagtca ggctgtgggc cggtcgtcct tctactgcct ggagtacttt 3300

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac tttgaattca gctacaactt cgaggacgtg 3360

cccttccaca gcagctacgc gcacagccag agcctggacc ggctgatgaa ccctctcatc 3420

gaccagtact tgtactacct gtcccggact caaagcacgg gcggtactgc aggaactcag 3480

cagttgctat tttctcaggc cgggcctaac aacatgtcgg ctcaggccaa gaactggcta 3540

cccggtccct gctaccggca gcaacgcgtc tccacgacac tgtcgcagaa caacaacagc 3600

aactttgcct ggacgggtgc caccaagtat catctgaatg gcagagactc tctggtgaat 3660

cctggcgttg ccatggctac ccacaaggac gacgaagagc gatttttcc atccagcgga 3720

gtcttaatgt ttgggaaaca gggagctgga aaagacaacg tggactatag cagcgtgatg 3780

ctaaccagcg aggaagaaat aaagaccacc aacccagtgg ccacagaaca gtacggcgtg 3840

gtggccgata acctgcaaca gcaaaacgcc gctcctattg taggggccgt caatagtcaa 3900

ggagccttac ctggcatggt gtggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 3960

gccaagattc ctcatacgga cggcaacttt catccctcgc cgctgatggg aggctttgga 4020

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatt aaaaacacac ctgttcccgc ggatcctccg 4080

accaccttca ctaaggccaa gctggcttct ttcatcacgc agtacagtac cggccaggtc 4140

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca aacgctggaa cccagagatt 4200

cagtacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa tactgagggt 4260

acttattccg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaattacat 4320

gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctcctgt ccttcttatc 4380

ttatcggtta ccatagaaac tggttactta ttaactgctt ggtgcgcttc gcgataaaag 4440

acttacgtca tcgggttacc cctagtgatg ga 4472

<210> 1237

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1237

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gaaggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aataccatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggctatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtgc ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 1238

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1238

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Lys Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1239

<211> 8376

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1239

aattcccatc atcaataata taccttattt tggattgaag ccaatatgat aatgaggggg 60

tggagtttgt gacgtggcgc ggggcgtggg aacggggcgg gtgacgtagt agtctctaga 120

gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat gtggtcacgc 180

tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga ggtttgaacg 240

cgcagccacc acgccggggt tttacgagat tgtgattaag gtccccagcg accttgacgg 300
gcatctgccc ggcatttctg acagctttgt gaactgggtg gccgagaagg aatgggagtt 360
gccgccagat tctgacatgg atctgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga 420
gaagctgcag cgcgactttc tgacggaatg gcgccgtgtg agtaaggccc cggaggccct 480
tttctttgtg caatttgaga agggagagag ctacttccac atgcacgtgc tcgtggaaac 540
caccggggtg aaatccatgg ttttgggacg tttcctgagt cagattcgcg aaaaactgat 600
tcagagaatt taccgcggga tcgagccgac tttgccaaac tggttcgcgg tcacaaagac 660

cagaaatggc gccggaggcg ggaacaaggt ggtggatgag tgctacatcc ccaattactt 720
gctccccaaa acccagcctg agctccagtg ggcgtggact aatatggaac agtatttaag 780
cgcctgtttg aatctcacgg agcgtaaacg gttggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc 840
gcagacgcag gagcagaaca aagagaatca gaatcccaat tctgatgcgc cggtgatcag 900
atcaaaaact tcagccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctcgtggaca aggggattac 960
ctcggagaag cagtggatcc aggaggacca ggcctcatac atctccttca atgcggcctc 1020
caactcgcgg tcccaaatca aggctgcctt ggacaatgcg ggaaagatta tgagcctgac 1080

taaaaccgcc cccgactacc tggtgggcca gcagcccgtg gaggacattt ccagcaatcg 1140
gatttataaa attttggaac taaacgggta cgatccccaa tatgcggctt ccgtctttct 1200
gggatgggcc acgaaaaagt tcggcaagag gaacaccatc tggctgtttg ggcctgcaac 1260
taccgggaag accaacatcg cggaggccat agcccacact gtgcccttct acgggtgcgt 1320
aaactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgactgtgtc gacaagatgg tgatctggtg 1380
ggaggagggg aagatgaccg ccaaggtcgt ggagtcggcc aaagccattc tcggaggaag 1440
caaggtgcgc gtggaccaga aatgcaagtc ctcggcccag atagacccga ctcccgtgat 1500

cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg aactcaacga ccttcgaaca 1560
ccagcagccg ttgcaagacc ggatgttcaa atttgaactc acccgccgtc tggatcatga 1620
ctttgggaag gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcaa aggatcacgt 1680
ggttgaggtg gagcatgaat tctacgtcaa aaagggtgga gccaagaaaa gacccgcccc 1740
cagtgacgca gatataagtg agcccaaacg ggtgcgcgag tcagttgcgc agccatcgac 1800
gtcagacgcg gaagcttcga tcaactacgc agacaggtac caaaacaaat gttctcgtca 1860
cgtgggcatg aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga atcagaattc 1920

aaatatctgc ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg tgtcagaatc 1980

tcaacccgtt tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc atcatatcat 2040

gggaaaggtg ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt tggatgactg 2100

catctttgaa caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat cttccagatt 2160

ggctcgagga cactctctct gaaggaataa gacagtggtg gaagctcaaa cctggcccac 2220

caccaccaaa gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg cttcctgggt 2280

acaagtacct cggacccttc aacggactcg acaagggaga gccggtcaac gaggcagacg 2340

ccgcggccct cgagcacgac aaagcctacg accggcagct cgacagcgga gacaacccgt 2400

acctcaagta caaccacgcc gacgcggagt ttcaggagcg ccttaaagaa gatacgtctt 2460

ttgggggcaa cctcggacga gcagtcttcc aggcgaaaaa gagggttctt gaacctctgg 2520

gcctggttga ggaacctgtt aagacggctc cgggaaaaaa gaggccggta gagcactctc 2580

ctgtggagcc agactcctcc tcgggaaccg gaaaggcggg ccagcagcct gcaagaaaaa 2640

gattgaattt tggtcagact ggagacgcag actcagtacc tgacccccag cctctcggac 2700

agccaccagc agccccctct ggtctgggaa ctaatacgat ggctacaggc agtggcgcac 2760

caatggcaga caataacgag ggcgccgacg gagtgggtaa ttcctcggga aattggcatt 2820

gcgattccac atggatgggc gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc tgggccctgc 2880

ccacctacaa caaccacctc tacaaacaaa tttccagcca atcaggagcc tcgaacgaca 2940

atcactactt tggctacagc accccttggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc 3000

acttttcacc acgtgactgg caaagactca tcaacaacaa ctggggattc cgacccaaga 3060

gactcaactt caagctcttt aacattcaag tcaaagaggt cacgcagaat gacggtacga 3120

cgacgattgc caataacctt accagcacgg ttcaggtgtt tactgactcg gagtaccagc 3180

tcccgtacgt cctcggctcg gcgcatcaag gatgcctccc gccgttccca gcagacgtct 3240

tcatggtgcc acagtatgga tacctcaccc tgaacaacgg gagtcaggca gtaggacgct 3300

cttcatttta ctgcctggag tactttcctt ctcagatgct gcgtaccgga aacaacttta 3360

ccttcagcta cacttttgag gacgttcctt tccacagcag ctacgctcac agccagagtc 3420

tggaccgtct catgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ttacttgagc agaacaaaca 3480

ctccaagtgg aaccaccacg cagtcaaggc ttcagttttc tcaggccgga gcgagtgaca 3540

ttcgggacca gtctaggaac tggcttcctg gaccctgtta ccgccagcag cgagtatcaa 3600

agacatctgc ggataacaac aacagtgaat actcgtggac tggagctacc aagtaccacc 3660

tcaatggcag agactctctg gtgaatccgg gcccggccat ggcaagccac aaggacgatg 3720

aagaaaagtt ttttcctcag agcggggttc tcatctttgg gaagcaaggc tcagagaaaa 3780

caaatgtgga cattgaaaag gtcatgatta cagacgaaga ggaaatcagg acaaccaatc 3840

ccgtggctac ggagcagtat ggttctgtat ctaccaacct ccagagaggc aacagacaag 3900

cagctaccgc agatgtcaac acacaaggcg ttcttccagg catggtctgg caggacagag 3960

atgtgtacct tcaggggccc atctgggcaa agattccaca cacggacgga cattttcacc 4020

cctctcccct catgggtgga ttcggactta aacaccctcc tccacagatt ctcatcaaga 4080

acaccccggt acctgcgaat ccttcgacca ccttcagtgc ggcaaagttt gcttccttca 4140

tcacacagta ctccacggga caggtcagcg tggagatcga gtgggagctg cagaaggaaa 4200

acagcaaacg ctggaatccc gaaattcagt acacttccaa ctacaacaag tctgttaatg 4260

tggactttac tgtggacact aatggcgtgt attcagagcc tcgccccatt ggcaccagat 4320

acctgactcg taatctgtaa ttgcttgtta atcaataaac cgtttaattc gtttcagttg 4380

aactttggtc tctgcgtatt tctttcttat ctagtttcca tgctctagag tcctgtatta 4440

gaggtcacgt gagtgttttg cgacattttg cgacaccatg tggtcacgct gggtatttaa 4500

gcccgagtga gcacgcaggg tctccatttt gaagcgggag gtttgaacgc gcagccacca 4560

cggcggggtt ttacgagatt gtgattaagg tccccagcga ccttgacggg catctgcccg 4620

gcatttctga cagctttgtg aactgggtgg ccgagaagga atgggagttg ccgccagatt 4680

ctgacatgga tctgaatctg attgagcagg cacccctgac cgtggccgag aagctgcatc 4740

gctggcgtaa tagcgaagag gcccgcaccg atcgcccttc ccaacagttg cgcagcctga 4800

atggcgaatg gaattccaga cgattgagcg tcaaaatgta ggtatttcca tgagcgtttt 4860

tcctgttgca atggctggcg gtaatattgt tctggatatt accagcaagg ccgatagttt 4920

gagttcttct actcaggcaa gtgatgttat tactaatcaa agaagtattg cgacaacggt 4980

taatttgcgt gatggacaga ctcttttact cggtggcctc actgattata aaaacacttc 5040

tcaggattct ggcgtaccgt tcctgtctaa aatcccttta atcggcctcc tgtttagctc 5100

ccgctctgat tctaacgagg aaagcacgtt atacgtgctc gtcaaagcaa ccatagtacg 5160

cgccctgtag cggcgcatta agcgcggcgg gtgtggtggt tacgcgcagc gtgaccgcta 5220

cacttgccag cgccctagcg cccgctcctt tcgctttctt cccttccttt ctcgccacgt 5280

tcgccggctt tccccgtcaa gctctaaatc gggggctccc tttagggttc cgatttagtg 5340

ctttacggca cctcgacccc aaaaaacttg attagggtga tggttcacgt agtgggccat 5400

cgccctgata gacggttttt cgcccctttga cgttggagtc cacgttcttt aatagtggac 5460

tcttgttcca aactggaaca acactcaacc ctatctcggt ctattctttt gatttataag 5520

ggattttgcc gatttcggcc tattggttaa aaaatgagct gatttaacaa aaatttaacg 5580

cgaattttaa caaaatatta acgtttacaa tttaaatatt tgcttataca atcttcctgt 5640

ttttggggct tttctgatta tcaaccgggg tacatatgat tgacatgcta gttttacgat 5700

taccgttcat cgattctctt gtttgctcca gactctcagg caatgacctg atagcctttg 5760
tagagacctc tcaaaaatag ctaccctctc cggcatgaat ttatcagcta gaacggttga 5820
atatcatatt gatggtgatt tgactgtctc cggcctttct cacccgtttg aatctttacc 5880
tacacattac tcaggcattg catttaaaat atatgagggt tctaaaaatt tttatccttg 5940
cgttgaaata aaggcttctc ccgcaaaagt attacagggt cataatgttt ttggtacaac 6000
cgatttagct ttatgctctg aggctttatt gcttaatttt gctaattctt tgccttgcct 6060
gtatgattta ttggatgttg gaattcctga tgcggtattt tctccttacg catctgtgcg 6120

gtatttcaca ccgcatatgg tgcactctca gtacaatctg ctctgatgcc gcatagttaa 6180
gccagccccg acacccgcca acacccgctg acgcgccctg acgggcttgt ctgctcccgg 6240
catccgctta cagacaagct gtgaccgtct ccgggagctg catgtgtcag aggttttcac 6300
cgtcatcacc gaaacgcgcg agacgaaagg gcctcgtgat acgcctattt ttataggtta 6360
atgtcatgat aataatggtt tcttagacgt caggtggcac ttttcgggga aatgtgcgcg 6420
gaacccctat ttgtttattt ttctaaatac attcaaatat gtatccgctc atgagacaat 6480
aaccctgata aatgcttcaa taatattgaa aaaggaagag tatgagtatt caacatttcc 6540

gtgtcgccct tattcccttt tttgcggcat tttgccttcc tgtttttgct cacccagaaa 6600
cgctggtgaa agtaaaagat gctgaagatc agttgggtgc acgagtgggt tacatcgaac 6660
tggatctcaa cagcggtaag atccttgaga gttttcgccc cgaagaacgt tttccaatga 6720
tgagcacttt taaagttctg ctatgtggcg cggtattatc ccgtattgac gccgggcaag 6780
agcaactcgg tcgccgcata cactattctc agaatgactt ggttgagtac tcaccagtca 6840
cagaaaagca tcttacggat ggcatgacag taagagaatt atgcagtgct gccataacca 6900
tgagtgataa cactgcggcc aacttacttc tgacaacgat cggaggaccg aaggagctaa 6960

ccgctttttt gcacaacatg ggggatcatg taactcgcct tgatcgttgg gaaccggagc 7020
tgaatgaagc cataccaaac gacgagcgtg acaccacgat gcctgtagca atggcaacaa 7080
cgttgcgcaa actattaact ggcgaactac ttactctagc ttcccggcaa caattaatag 7140
actggatgga ggcggataaa gttgcaggac cacttctgcg ctcggccctt ccggctggct 7200
ggtttattgc tgataaatct ggagccggtg agcgtgggtc tcgcggtatc attgcagcac 7260
tggggccaga tggtaagccc tcccgtatcg tagttatcta cacgacgggg agtcaggcaa 7320
ctatggatga acgaaataga cagatcgctg agataggtgc ctcactgatt aagcattggt 7380

aactgtcaga ccaagtttac tcatatatac tttagattga tttaaaactt catttttaat 7440

ttaaaaggat ctaggtgaag atccttttttg ataatctcat gaccaaaatc ccttaacgtg 7500

agttttcgtt ccactgagcg tcagaccccg tagaaaagat caaaggatct tcttgagatc 7560

ctttttttct gcgcgtaatc tgctgcttgc aaacaaaaaa accaccgcta ccagcggtgg 7620

tttgtttgcc ggatcaagag ctaccaactc tttttccgaa ggtaactggc ttcagcagag 7680

cgcagatacc aaatactgtc cttctagtgt agccgtagtt aggccaccac ttcaagaact 7740

ctgtagcacc gcctacatac ctcgctctgc taatcctgtt accagtggct gctgccagtg 7800

gcgataagtc gtgtcttacc gggttggact caagacgata gttaccggat aaggcgcagc 7860

ggtcgggctg aacgggggt tcgtgcacac agcccagctt ggagcgaacg acctacaccg 7920

aactgagata cctacagcgt gagctatgag aaagcgccac gcttcccgaa gggagaaagg 7980

cggacaggta tccggtaagc ggcagggtcg gaacaggaga gcgcacgagg gagcttccag 8040

ggggaaacgc ctggtatctt tatagtcctg tcgggtttcg ccacctctga cttgagcgtc 8100

gatttttgtg atgctcgtca gggggggcgga gcctatggaa aaacgccagc aacgcggcct 8160

ttttacggtt cctggccttt tgctggcctt ttgctcacat gttctttcct gcgttatccc 8220

ctgattctgt ggataaccgt attaccgcct ttgagtgagc tgataccgct cgccgcagcc 8280

gaacgaccga gcgcagcgag tcagtgagcg aggaagcgga agagcgccca atacgcaaac 8340

cgcctctccc cgcgcgttgg ccgattcatt aatgca 8376

<210> 1240

<211> 1085

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (611)..(611)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (640)..(640)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (1039)..(1039)

<223> a, c, t, or g

<400> 1240

tgcccactta caacaaccat ctctacaagc aaatctccag cvvmdcagga gctascaacg 60

acaaccacta ctttggctac agcacccctt gggggtattt tgactttaac agattccact 120

gccacttctc accacgtgac tggcagcgac tcattaacaa caactgggga ttccggccca 180

agaaactcag cttcaagctc ttcaacatcc aagttagagg ggtcacgcag aacgatggca 240

cgacgactat tgccaataac cttaccagca cggttcaagt gtttacggac tcggagtatc 300

agctcccgta cgtgctcggg tcggcgcacc aaggctgtct cccgccgttt ccagcggacg 360

tcttcatggt ccctcagtat ggatacctca ccctgaacaa cggaagtcaa gcggtgggac 420

gctcatcctt ttactgcctg gagtacttcc cttcgcagat gctaaggact ggaaataact 480

tccaattcag ctataccttc gaggatgtac cttttcacag cagctacgct cacagccaga 540

gtttggatcg cttgatgaat cctcttattg atcagtatct gtactacctg aacagaacgc 600

aargcamcvc nrgcggaaca rccrvcmhsm rsvvsctgvn gtttagccag gctgggcctc 660

agtctatgtc tttgcaggcc agaaattggc tacctgggcc ctgctaccgg caacagagac 720

tttcaamary cbmcrvcsrs aacaacaaca gtrastttcc ttggmcagcg gccagcamat 780

atcatctcaa tggccgcgac tcgctggtga atccaggacc agctatggcc agtcacrrgg 840

acgatrmsgr saratttttc cctatgcacg gcaatctaat atttggcaaa saarrcrscr 900

vsrvarvcra trycgmsdwc grsvrsgtaa tgattacgga tgaagaagag attcgtacca 960

ccaatcctgt ggcaacagag cagtatggaa ctgtggcaaa taacttgcag rvsvvsmrsr 1020

vcvvscccac gdhtvvsrns gtcvmscatc agggggcctt acctggcatg gtgtggcaag 1080

atcgt 1085

<210> 1241

<211> 620

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (263)..(264)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (267)..(267)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (450)..(453)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (456)..(460)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (462)..(462)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (491)..(495)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (500)..(500)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (504)..(504)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (508)..(508)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (528)..(528)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (531)..(533)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220

><221> MOD_RES

<222> (546)..(557)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (586)..(590)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (593)..(595)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (597)..(597)

<223> Any naturally occurring amino acid

<400> 1241

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly
130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Xaa Xaa Gly Ala Xaa Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Arg Gly Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Xaa Phe Pro Trp Xaa Ala Ala Ser Xaa Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Xaa
515 520 525
Asp Asp Xaa Xaa Xaa Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Thr
580 585 590
Xaa Xaa Xaa Val Xaa His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala
610 615 620
<210> 1242
<211> 1491
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1242

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 60

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 120

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 180

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 240

agaggggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 300

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 360

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 420

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 480

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 540

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 600

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 660

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 720

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 780

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 840

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 900

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 960

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1020

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgactg gaactgtcaa tcatcagggg 1080

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtctacc ttcaaggacc tatctgggca 1140

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1200

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1260

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 1320

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 1380

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 1440

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgtg a 1491

<210> 1243

<211> 482

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1243

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
1 5 10 15

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
20 25 30

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys
35 40 45

His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Asn Asn Asn Trp Gly Phe
50 55 60

Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Arg Gly Val
65 70 75 80

Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
85 90 95

Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
100 105 110

Ala His Gln Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Val Pro
115 120 125

Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser
130 135 140

Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
145 150 155 160

Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro His Ser Ser Tyr
165 170 175

Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Tyr
180 185 190

Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn
195 200 205

Gln Ser Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln
210 215 220

Ala Arg Asn Trp Leu Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys

225 230 235 240

Thr Ala Asn Asp Asn Asn Asn Ser Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys

245 250 255

Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Gly Pro Ala Met Ala

260 265 270

Ser His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Leu Ile

275 280 285

Phe Gly Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val

290 295 300

Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

305 310 315 320

Glu Gln Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala

325 330 335

Pro Thr Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

340 345 350

Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

355 360 365

Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

370 375 380

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val

385 390 395 400

Pro Ala Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe

405 410 415

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

420 425 430

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

435 440 445

Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn

450 455 460

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

465 470 475 480

Asn Leu

<210> 1244

<211> 1140

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (636)..(636)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (665)..(665)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (1064)..(1064)

<223> a, c, t, or g

<400> 1244

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 60

tccagcvvmd caggagctas caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 120

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 180

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 240

agaggggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 300

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 360

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 420

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 480

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 540

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 600

tatctgtact acctgaacag aacgcaargc amcvcnrgcg gaacarccrv cmhsmrsvvs 660

ctgvngttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 720

gggccctgct accggcaaca gagactttca amarycbmcr vcsrsaacaa caacagtras 780

tttccttggm cagcggccag camatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 840

ggaccagcta tggccagtca crrggacgat rmsgrsarat ttttccctat gcacggcaat 900

ctaatatttg gcaaasaarr crscrvsrva rvcratrycg msdwcgrsvr sgtaatgatt 960

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1020

gcaaataact tgcagrvsvv smrsrvcvvs cccacgdhtv vsrnsgtcvm scatcagggg 1080

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtctacc ttcaaggacc tatctgggca 1140

<210> 1245

<211> 620

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (263)..(264)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (267)..(267)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (450)..(453)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (456)..(460)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (462)..(462)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (491)..(495)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (500)..(500)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (504)..(504)

<223

> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (508)..(508)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (528)..(528)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (531)..(533)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (546)..(557)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (586)..(590)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (593)..(595)

<223> Any naturally occurring amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (597)..(597)

<223> Any naturally occurring amino acid

<400> 1245

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly

130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Xaa Xaa Gly Ala Xaa Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Arg Gly Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Xaa Phe Pro Trp Xaa Ala Ala Ser Xaa Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Xaa

515 520 525

Asp Asp Xaa Xaa Xaa Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Thr

580 585 590

Xaa Xaa Xaa Val Xaa His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala

610 615 620

<210> 1246

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1246

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 1247
<211> 2258
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1247
tcgaggacaa cctctctgag ggcattcgcg agtggtggga cttgaaacct ggagccccga 60
aacccaaagc caaccagcaa aagcaggacg acggccgggg tctggtgctt cctggctaca 120
agtacctcgg acccttcaac ggactcgaca agggggagcc cgtcaacgcg gcggacgcag 180
cggccctcga gcacgacaag gcctacgacc agcagctcaa agcgggtgac aatccgtacc 240
tgcggtataa ccacgccgac gccgagtttc aggagcgtct gcaagaagat acgtcttttg 300
ggggcaacct cgggcgagca gtcttccagg ccaagaagcg ggttctcgaa cctctcggtc 360

tggttgagga aggcgctaag acggctcctg gaaagaagag accggtagag ccatcacccc 420

agcgttctcc agactcctct acgggcatcg gcaagaaagg ccagcagccc gcgaaaaaga 480

gactcaactt tgggcagact ggcgactcag agtcagtgcc cgaccctcaa ccaatcggag 540

aacccccgc aggcccctct ggtctgggat ctggtacaat ggctgcaggc ggtggcgctc 600

caatggcaga caataacgaa ggcgccgacg gagtgggtag ttcctcagga aattggcatt 660

gcgattccac atggctgggc gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc tgggccctcc 720

ccacctacaa caaccacctc tacaagcaaa tctccaacgg gacttcggga ggaagcacca 780

acgacaacac ctacttcggc tacagcaccc cctgggggta ttttgacttt aacagattcc 840

actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg ggattccggc 900

ccaagagact caacttcaag ctcttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg cagaatgaag 960

gcaccaagac catcgccaat aaccttacca gcacgattca ggtctttacg gactcggaat 1020

accagctccc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctgcctccg ttcccggcgg 1080

acgtcttcat gattcctcag tacgggtacc tgactctgaa caatggcagt caggccgtgg 1140

gccgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca aatgctgaga acgggcaaca 1200

actttgagtt cagctaccag tttgaggacg tgccttttca cagcagctac gcgcacagcc 1260

aaagcctgga ccggctgatg aacccctca tcgaccagta cctgtactac ctgtctcgga 1320

ctcagtccac gggaggtacc gcaggaactc agcagttgct attttctcag gccgggccta 1380

ataacatgtc ggctcaggcc aaaaactggc tacccgggcc ctgctaccgg cagcaacgcg 1440

tctccacgac actgtcgcaa aataacaaca gcaactttgc ctggaccggt gccaccaagt 1500

atcatctgaa tggcagagac tctctggtaa atcccggtgt cgctatggca acccacaagg 1560

acgacgaaga gcgatttttt ccgtccagcg gagtcttaat gtttgggaaa cagggagctg 1620

gaaaagacaa cgtggactat agcagcgtta tgctaaccag tgaggaagaa attaaaacca 1680

ccaacccagt ggccacagaa cagtacggcg tggtggccga taacctgcaa cagcaaaacg 1740

ccgctcctat tgtaggggcc gtcaacagtc aaggagcctt acctggcatg gtctggcaga 1800

accgggacgt gtacctgcag ggtcctatct gggccaagat tcctcacacg gacggaaact 1860

ttcatccctc gccgctgatg ggaggctttg gactgaaaca cccgcctcct cagatcctga 1920

ttaagaatac acctgttccc gcggatcctc caactacctt cagtcaagct aagctggcgt 1980

cgttcatcac gcagtacagc accggacagg tcagcgtgga aattgaatgg gagctgcaga 2040

aagaaaacag caaacgctgg aacccagaga ttcaatacac ttccaactac tacaaatcta 2100

caaatgtgga ctttgctgtt aacacagatg gcacttattc tgagcctcgc cccatcggca 2160

cccgttacct cacccgtaat ctgtaattgc ttgttaatca ataaaccggt tgattcgttt 2220

cagttgaact ttggtctctg cgaagggcga attcgttt 2258

<210> 1248

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1248

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt tcttaagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaattc 1500

tcgtggaccg gtgctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg taccagattc ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 1249

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1249

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Ser Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Trp Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro
580 585 590
Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720
Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 1250
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1250

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagcgctt caacgggagc ctcgaacgac aatcactact ttggctacag cacccttgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt taacattcaa 960

gtcaaagagg tcacgcagaa tgacggtacg acgacgattg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaggtgt ttactgactc ggagtaccag ctcccgtacg tcctcggctc ggcgcatcaa 1080

ggatgcctcc cgccgttccc agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtaccgg aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accgccagca gcgagtatca aagacatctg cggataacaa caacagtgaa 1500

tactcgtgga ctggagctac caagtaccac ctcaatggca gagactctct ggtgaatccg 1560

ggcccggcca tggcaagcca caaggacgat gaagaaaagt tttttcctca gagcggggtt 1620

ctcatctttg ggaagcaagg ctcagagaaa acaaatgtgg acattgaaaa ggtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaatcag gacaaccaat cccgtggcta cggagcagta tggttctgta 1740

tctaccaacc tccagagagg caacagacaa gcagctaccg cagatgtcaa cacacaaggc 1800

gttcttccag gcatggtctg gcaggacaga gatgtgtacc ttcaggggcc catctgggca 1860

aagattccac acacggacgg acattttcac ccctctcccc tcatgggtgg attcggactt 1920

aaacaccctc ctccacagat tctcatcaag aacaccccgg tacctgcgaa tccttcgacc 1980

accttcagtg cggcaaagtt tgcttccttc atcacacagt actccacggg acaggtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaaac gctggaatcc cgaaattcag 2100

tacacttcca actacgccaa gtctgtcaat gtggacttta ctgtggacaa taatggcgtg 2160

tattcagagc ctcgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 1251

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1251

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caggggccag caacgacaac cactacttcg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgatt tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaatt ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca aactcttcaa catccaagtc 960

aaggaggtca cgacgaatga tggcgtcaca accatcgcta ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtcttct cggactcgga gtaccagctt ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc 1080
tgcctccctc cgttcccggc ggacgtgttc atgattccgc aatacggcta cctgacgctc 1140
aacaatggca gccaagccgt gggacgttca tccttttact gcctggaata tttcccttct 1200
cagatgctga gaacgggcaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga agtgcctttc 1260
cacagcagct acgcgcacag ccagagcctg gaccggctga tgaatcctct catcgaccaa 1320
tacctgtatt acctgaacag aactcaaaat cagtccggaa gtgcccaaaa caaggacttg 1380
ctgtttagcc gtgggtctcc agctggcatg tctgttcagc ccaaaaactg gctacctgga 1440

ccctgttatc ggcagcagcg cgtttctaaa acaaaaacag acaacaacaa cagcaatttt 1500
acctggactg gtgcttcaaa atataacctc aatgggcgtg aatccatcat caaccctggc 1560
actgctatgg cctcacacaa agacgacgaa gacaagttct ttcccatgag cggtgtcatg 1620
atttttggaa aagagagcgc cggagcttca aacactgcat tggacaatgt catgattaca 1680
gacgaagagg aaattaaagc cactaaccct gtggccaccg aaagatttgg gaccgtggca 1740
gtcaatttcc agagcagcag cacagaccct gcgaccggag atgtgcatgc tatgggagca 1800
ttacctggca tggtgtggca agatagagac gtgtacctgc agggtcccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cagatggaca ctttcacccg tctcctctta tgggcggctt tggactcaag 1920
aacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcggag 1980
ttttcagcta caaagtttgc ttcattcatc acccaatact ccacaggaca agtgagtgtg 2040
gaaattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaagcgct ggaatcccga agtgcagtac 2100
acatccaatt atgcaaaatc tgccaacgtt gattttactg tggacaacaa tggactttat 2160
actgagcctc gccccattgg cacccgttac cttacccgtc ccctgtaa 2208

<210> 1252
<211> 2205
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1252
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctdgag ggcattcgcg 60
agtggtggga cttgaaacct ggagccccga aacccaaagc caaccagcaa aagcaggacg 120

acggccgggg tdggtgcttc ctggctacaa gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa 180

gggggagccc gtcaacgcgg cggatgcagc ggccctcgag cacgacaagg cctacgacca 240

gcagctcaaa gcgggtgaca atccgtacct gcggtataac cacgccgacg ccgagtttca 300

ggagcgtctg caagaagata cgtcttttgg gggcaacctc gggcgagcag tcttccaggc 360

caagaagagg gttctcgaac cttttggtdg gttgaggaag gtgctaagac ggctcctgga 420

aagaaacgtc cggtagagca gtcgccacaa gagccagact cctcctcggg cattggcaag 480

acaggccagc agcccgctaa aaagagactc aattttggtc agactggcga ctcagagtca 540

gtccccgacc cacaacctct cggagaacct ccagcaaccc ccgctgctgt gggacctact 600

acaatggctt caggcggtgg cgcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 660

ggtaatgcct caggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc 720

accagcaccc gaacatgggc cttgcccacc tataacaacc acctctacaa gcaaatctcc 780

agtgcttcag gggccagcaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 840

tttgatttca acagattcca ctgccatttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 900

aacaattggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 960

gaggtcacga cgaatgatgg cgtcacgacc atcgctaata accttaccag cacggttcaa 1020

gtcttctcgg actcggagta ccagttgccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc 1080

ctccctccgt tcccggcgga cgtgttcatg attccgcagt acggctacct aacgctcaac 1140

aatggcagcc aggcagtggg acggtcatcc ttttactgcc tggaatattt cccatcgcag 1200

atgctgagaa cgggcaataa ctttaccttc agctacacct tcgaggacgt gcctttccac 1260

agcagctacg cgcacagcca gagcctggac cggctgatga atcctctcat cgaccagtac 1320

ctgtattacc tgaacagaac tcagaatcag tccggaagtg cccaaaacaa ggacttgctg 1380

tttagccggg ggtctccagc tggcatgtct gttcagccca aaaactggct acctggaccc 1440

tgttaccggc agcagcgcgt ttctaaaaca aaaacagaca acaacaacag caactttacc 1500

tggactggtg cttcaaaata taaccttaat gggcgtgaat ctataatcaa ccctggcact 1560

gctatggcct cacacaaaga cgacaaagac aagttctttc ccatgagcgg tgtcatgatt 1620

tttggaaagg agagcgccgg agcttcaaac actgcattgg acaatgtcat gatcacagac 1680

gaagaggaaa tcaaagccac taaccccgtg gccaccgaaa gatttgggac tgtggcagtc 1740

aatctccaga gcagcagcac agaccctgcg accggagatg tgcatgttat gggagcctta 1800

cctggaatgg tgtggcaaga cagagacgta tacctgcagg gtcctatttg ggccaaaatt 1860

cctcacacgg atggacactt tcacccgtct cctctcatgg gcggctttgg acttaagcac 1920

ccgcctcctc agatcctcat caaaaacacg cctgttcctg cgaatcctcc ggcagagttt 1980

tcggctacaa agtttgcttc attcatcacc cagtattcca caggacaagt gagcgtggag 2040

attgaatggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga atcccgaagt gcagtataca 2100
tctaactatg caaaatctgc caacgttgat ttcactgtgg acaacaatgg actttatact 2160
gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtcccc tgtaa 2205
<210> 1253
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1253
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaaga gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caggggccag caacgacaac cactacttcg gctacagcac cccctggggg 840
tattttgatt tcaacagatt ccactgccat ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc 900
aacaacaatt ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctcttcaa catccaagtc 960

aaggaggtca cgacgaatga tggcgtcacg accatcgcta ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtcttct cggactcgga gtaccagttg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc 1080
tgcctccctc cgttcccggc ggacgtgttc atgattccgc agtacggcta cctaacgctc 1140

aacaatggca gccaggcagt gggacggtca tccttttact gcctggaata tttcccatcg 1200

cagatgctga gaacgggcaa taactttacc ttcagctaca ccttcgagga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgcgcacag ccagagcctg gaccggctga tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acctgaacag aactcagaat cagtccggaa gtgcccaaaa caaggacttg 1380

ctgtttagcc gggggtctcc agctggcatg tctgttcagc ccaaaaactg gctacctgga 1440

ccctgttacc ggcagcagcg cgtttctaaa acaaaaacag acaacaacaa cagcaacttt 1500

acctggactg gtgcttcaaa atataacctt aatgggcgtg aatctataat caaccctggc 1560

actgctatgg cctcacacaa agacgacgaa gacaagttct ttcccatgag cggtgtcatg 1620

atttttggaa aggagagcgc cggagcttca aacactgcat tggacaatgt catgatcaca 1680

gacgaagagg aaatcaaagc cactaacccc gtggccaccg aaagatttgg gactgtggca 1740

gtcaatctcc agagcagcag cacagaccct gcgaccggag atgtgcatgt tatgggagcc 1800

ttacctggaa tggtgtggca agacagagac gtatacctgc agggtcctat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggatggaca ctttcacccg tctcctctca tgggcggctt tggacttaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag 1980

ttttcggcta caaagtttgc ttcattcatc acccagtatt ccacaggaca agtgagcgtg 2040

gagattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatcccga agtgcagtat 2100

acatctaact atgcaaaatc tgccaacgtt gatttcactg tggacaacaa tggactttat 2160

actgagcctc gccccattgg cacccgttac ctcacccgtc ccctgtaa 2208

<210> 1254

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1254

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctg tggccggacc cagtaacatg gctgtccagg gaaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaattt 1500

gcttggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agcaacagaa cacagcacca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 1255

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1255

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Val

450 455 460
Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Ala Thr

580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1256

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1256

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aagtcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgat gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg ataacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaagactc aggaaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 1257

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1257

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aagtcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgat gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg ataacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaagactc aggaaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 1258

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1258

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1259

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1259

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Phe Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1260

<211> 747

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1260

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Ala Ala Ala Gly Ser
580 585 590
Thr Pro Pro Pro Met Ala Ala Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn
595 600 605

Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr
610 615 620
Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe
625 630 635 640
His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
645 650 655
Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr
660 665 670

Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
675 680 685
Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
690 695 700
Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val
705 710 715 720
Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
725 730 735

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
740 745

<210> 1261
<211> 747
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1261

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Ala Ala Ala Gly Glu
580 585 590

Thr Arg Ala Pro Leu Ala Ala Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn
595 600 605

Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr
610 615 620

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe
625 630 635 640

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
645 650 655

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr
660 665 670

Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
675 680 685

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
690 695 700

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val

705 710 715 720

Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg

725 730 735

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

740 745

<210> 1262

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1262

Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys

1 5

<210> 1263

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1263

Lys Phe Pro Val Ala Leu Thr

1 5

<210> 1264

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1264

Leu Ala Val Pro Phe Lys

1 5

<210> 1265

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1265

Ala Val Pro Phe Lys

1 5

<210> 1266

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1266

Val Pro Phe Lys

1

<210> 1267

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1267

Thr Leu Ala Val Pro Phe

1 5

<210> 1268

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1268

Thr Leu Ala Val Pro

1 5

<210> 1269

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1269

Thr Leu Ala Val

1

<210> 1270

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1270

Ser Val Ser Lys Pro Phe Leu

1 5

<210> 1271

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1271

Phe Thr Leu Thr Thr Pro Lys
1 5

<210> 1272

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1272

Met Asn Ala Thr Lys Asn Val
1 5

<210> 1273

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1273

Gln Ser Ser Gln Thr Pro Arg
1 5

<210> 1274

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1274

Ile Leu Gly Thr Gly Thr Ser

1 5

<210> 1275

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1275

Thr Arg Thr Asn Pro Glu Ala

1 5

<210> 1276

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1276

Asn Gly Gly Thr Ser Ser Ser

1 5

<210> 1277

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1277

Tyr Thr Leu Ser Gln Gly Trp

1 5

<210> 1278

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1278

aagtttcctg tggcgttgac t 21

<210> 1279

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1279

actttggcgg tgccttttaa g 21

<210> 1280

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1280

agtgtgagta agccttttt g 21

<210> 1281

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1281

tttacgttga cgacgcctaa g 21

<210> 1282

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1282

atgaatgcta cgaagaatgt g 21

<210> 1283

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1283

cagtcgtcgc agacgcctag g 21

<210> 1284

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1284

attctgggga ctggtacttc g 21

<210> 1285

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1285

acgcggacta atcctgaggc t 21

<210> 1286

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1286

aatgggggga ctagtagttc t 21

<210> 1287

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1287

tatactttgt cgcagggttg g 21

<210> 1288

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1288

Ala Gln Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1289

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1289

Ala Gln Ser Val Ser Lys Pro Phe Leu Ala Gln

1 5 10

<210> 1290

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1290

Ala Gln Phe Thr Leu Thr Thr Pro Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1291

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1291

Asp Gly Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1292

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1292

Glu Ser Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1293

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1293

Gly Gly Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1294

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1294

Ala Gln Thr Leu Ala Thr Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1295

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1295

Ala Thr Thr Leu Ala Thr Pro Phe Lys Ala Gln
1 5 10

<210> 1296
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1296
Asp Gly Thr Leu Ala Thr Pro Phe Lys Ala Gln
1 5 10
<210> 1297
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1297
Gly Gly Thr Leu Ala Thr Pro Phe Lys Ala Gln
1 5 10

<210> 1298
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1298
Ser Gly Ser Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln
1 5 10
<210> 1299

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1299

Ala Gln Thr Leu Ala Gln Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1300

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1300

Ala Gln Thr Leu Gln Gln Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1301

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1301

Ala Gln Thr Leu Ser Asn Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1302

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1302

Ala Gln Thr Leu Ala Val Pro Phe Ser Asn Pro

1 5 10

<210> 1303

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1303

Gln Gly Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1304

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1304

Asn Gln Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1305

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1305

Glu Gly Ser Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1306

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1306

Ser Gly Asn Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1307

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1307

Glu Gly Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1308

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1308

Asp Ser Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1309

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1309

Ala Val Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln
1 5 10

<210> 1310

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1310

Ala Gln Thr Leu Ser Thr Pro Phe Lys Ala Gln
1 5 10

<210> 1311

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1311

Ala Gln Thr Leu Pro Gln Pro Phe Lys Ala Gln
1 5 10

<210> 1312

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1312

Ala Gln Thr Leu Ser Gln Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1313

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1313

Ala Gln Thr Leu Gln Leu Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1314

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1314

Ala Gln Thr Leu Thr Met Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1315

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1315

Ala Gln Thr Leu Thr Thr Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1316

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1316

Ala Gln Tyr Thr Leu Ser Gln Gly Trp Ala Gln

1 5 10

<210> 1317

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1317

Ala Gln Met Asn Ala Thr Lys Asn Val Ala Gln

1 5 10

<210> 1318

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1318

Ala Gln Val Ser Gly Gly His His Ser Ala Gln

1 5 10

<210> 1319

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1319

Ala Gln Thr Leu Thr Ala Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1320

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1320

Ala Gln Thr Leu Ser Lys Pro Phe Lys Ala Gln

1 5 10

<210> 1321

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1321

Gln Ala Val Arg Thr Ser Leu

1 5

<210> 1322

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1322

Leu Ala Lys Glu Arg Leu Ser

1 5

<210> 1323

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1323

Met Asn Ser Thr Lys Asn Val

1 5

<210> 1324

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1324

Val Ser Gly Gly His His Ser

1 5

<210> 1325

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1325

Ser Ala Gln Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln Ala Gln

1 5 10

<210> 1326

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(4)

<223> Any amino acid

<400> 1326

Ser Xaa Xaa Xaa Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln Ala Gln

1 5 10

<210> 1327

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(6)

<223> Any amino acid

<400> 1327

Ser Ala Gln Xaa Xaa Xaa Val Pro Phe Lys Ala Gln Ala Gln

1 5 10

<210> 1328

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (6)..(8)
<223> Any amino acid
<400> 1328
Ser Ala Gln Thr Leu Xaa Xaa Xaa Phe Lys Ala Gln Ala Gln
1 5 10
<210> 1329
<211> 14
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (8)..(10)
<223> Any amino acid
<400> 1329
Ser Ala Gln Thr Leu Ala Val Xaa Xaa Xaa Ala Gln Ala Gln
1 5 10
<210> 1330
<211> 14
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (10)..(12)

<223> Any amino acid
<400> 1330
Ser Ala Gln Thr Leu Ala Val Pro Phe Xaa Xaa Xaa Ala Gln

1 5 10

<210> 1331

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1331

Thr Asn His Gln Ser Ala Gln

1 5

<210> 1332

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1332

Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp

1 5

<210> 1333

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1333

Asp Gly Thr Leu Ala Thr Pro Phe Lys

1 5

<210> 1334

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221

> MOD_RES

<222> (10)..(11)

<223> Any amino acid

<400> 1334

Asp Gly Thr Leu Ala Thr Pro Phe Lys Xaa Xaa

1 5 10

<210> 1335

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1335

Leu Ala Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5

<210> 1336

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1336

Val Pro Phe Lys Ala Gln

1 5

<210> 1337

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1337

Phe Lys Ala Gln

1

<210> 1338

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1338

Ala Gln Thr Leu Ala Val

1 5

<210> 1339

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1339

Ala Gln Thr Leu Ala Val Pro Phe

1 5

<210> 1340

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1340

Gln Ala Val Arg

1

<210> 1341

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1341

Ala Val Arg Thr

1

<210> 1342

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1342

Val Arg Thr Ser

1

<210> 1343

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1343

Arg Thr Ser Leu

1

<210> 1344

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1344

Gln Ala Val Arg Thr

1 5

<210> 1345

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1345

Ala Val Arg Thr Ser

1 5

<210> 1346

<211> 5

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1346

Val Arg Thr Ser Leu

1 5

<210> 1347

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1347

Gln Ala Val Arg Thr Ser

1 5

<210> 1348

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1348

Ala Val Arg Thr Ser Leu

1 5

<210> 1349

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1349

gatgggactt tggcggtgcc ttttaaggca cag 33

<210> 1350

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1350

gatgggacgt tggcggtgcc ttttaaggca cag 33

<210> 1351

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1351

caggcggtta ggacgtcttt g 21

<210> 1352

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1352

caggtcttca cggactcaga ctatcag 27

<210> 1353

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1353

caagtaaaac ctctacaaat gtggtaaaat cg 32

<210> 1354

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1354

actcatcgac caatacttgt actatctctc tagaac 36

<210> 1355

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1355

ggaagtattc cttggttttg aaccca 26

<210> 1356

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1356

ggtcgcggtt cttgtttgtg gat 23

<210> 1357

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1357

cgaccttgaa gcgcatgaac tcct 24

<210> 1358

<211> 83

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (42)..(43)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (45)..(46)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (48)..(49)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (51)..(52)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (54)..(55)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (57)..(58)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (60)..(61)

<223> a, c, t, or g

<400> 1358

gtattccttg gttttgaacc caaccggtct gcgcctgtgc mnnmnnmnnm nnmnnmnnmn 60

nttgggcact ctggtggttt gtc 83

<210> 1359

<211> 64

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<220><221> modified_base
<222> (36)..(37)
<223> a, c, t, or g
<220><221> modified_base
<222> (39)..(40)
<223> a, c, t, or g
<220><221> modified_base
<222> (42)..(43)
<223> a, c, t, or g
<400> 1359
gtattccttg gttttgaacc caaccggtct gcgcmnnmnn mnnaaaaggc accgccaaag 60

tttg 64
<210> 1360
<211> 70
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<220><221> modified_base
<222> (42)..(43)
<223> a, c, t, or g
<220><221> modified_base
<222> (45)..(46)
<223> a, c, t, or g
<220><221> modified_base
<222> (48)..(49)
<223> a, c, t, or g
<400> 1360
gtattccttg gttttgaacc caaccggtct gcgcctgtgc mnnmnnmnnc accgccaaag 60

tttgggcact 70

<210> 1361

<211> 77

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (48)..(49)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (51)..(52)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (54)..(55)

<223> a, c, t, or g

<400> 1361

gtattccttg gttttgaacc caaccggtct gcgcctgtgc cttaaamnnm nnmnncaaag 60

tttgggcact ctggtgg 77

<210> 1362

<211> 83

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (54)..(55)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (57)..(58)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (60)..(61)

<223> a, c, t, or g

<400> 1362

gtattccttg gttttgaacc caaccggtct gcgcctgtgc cttaaaaggc acmnnmnnmn 60

nttgggcact ctggtggttt gtg 83

<210> 1363

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1363

cttgcgaagg agcggctttc g 21

<210> 1364

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1364

Val Asn Leu Thr Trp Ser Arg Ala Ser Gly

1 5 10

<210> 1365

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1365

Glu Phe Cys Ile Asn His Arg Gly Tyr Trp Val Cys Gly Asp

1 5 10

<210> 1366

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1366

Glu Asp Gly Gln Val Met Asp Val Asp Leu Ser

1 5 10

<210> 1367

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1367

Glu Lys Gln Arg Asn Gly Thr Leu Thr

1 5

<210> 1368

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1368

Thr Tyr Gln Cys Arg Val Thr His Pro His Leu Pro Arg Ala Leu Met

1 5 10 15

Arg

<210> 1369

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1369

Arg His Ser Thr Thr Gln Pro Arg Lys Thr Lys Gly Ser Gly

1 5 10

<210> 1370

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1370

Asp Ser Asn Pro Arg Gly Val Ser Ala Tyr Leu Ser Arg

1 5 10

<210> 1371

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1371

Thr Ile Thr Cys Leu Trp Asp Leu Ala Pro Ser Lys

1 5 10

<210> 1372

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1372

Lys Thr Lys Gly Ser Gly Phe Phe Val Phe

1 5 10

<210> 1373

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1373

Thr His Pro His Leu Pro Arg Ala Leu Met Arg Ser

1 5 10

<210> 1374

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1374

Gly Glu Thr Tyr Gln Cys Arg Val Thr His Pro His Leu Pro Arg Ala

1 5 10 15

Leu Met Arg Ser Thr Thr Lys

20

<210> 1375

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1375

Leu Pro Arg Ala Leu Met Arg Ser

1 5

<210> 1376

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1376

Ile Asn His Arg Gly Tyr Trp Val

1 5

<210> 1377

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1377

Cys Asp Ala Gly Ser Val Arg Thr Asn Ala Pro Asp

1 5 10

<210> 1378

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1378

Ala Lys Ala Val Ser Asn Leu Thr Glu Ser Arg Ser Glu Ser Leu Gln

1 5 10 15

Ser

<210> 1379

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1379

Ser Leu Thr Gly Asp Glu Phe Lys Lys Val Leu Glu Thr

1 5 10

<210> 1380

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1380

Arg Glu Ala Val Ala Tyr Arg Phe Glu Glu Asp

1 5 10

<210> 1381

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1381

Ile Asn Pro Glu Ile Ile Thr Leu Asp Gly

1 5 10

<210> 1382

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1382

Asp Ile Ser Val Thr Gly Ala Pro Val Ile Thr Ala Thr Tyr Leu

1 5 10 15

<210> 1383

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1383

Asp Ile Ser Val Thr Gly Ala Pro Val Ile Thr Ala

1 5 10

<210> 1384

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1384

Pro Lys Thr Val Ser Asn Leu Thr Glu Ser Ser Ser Glu Ser Val Gln

1 5 10 15

Ser

<210> 1385

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1385

Ser Leu Met Gly Asp Glu Phe Lys Ala Val Leu Glu Thr

1 5 10

<210> 1386

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1386

Gln His Ser Val Ala Tyr Thr Phe Glu Glu Asp

1 5 10

<210> 1387

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1387

Ile Asn Pro Glu Ile Ile Thr Arg Asp Gly

1 5 10

<210> 1388

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1388

Asp Ile Ser Leu Thr Gly Asp Pro Val Ile Thr Ala Ser Tyr Leu

1 5 10 15

<210> 1389

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1389

Asp Ile Ser Leu Thr Gly Asp Pro Val Ile Thr Ala

1 5 10

<210> 1390

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1390

Asp Gln Ser Ile Asp Phe Glu Ile Asp Ser Ala

1 5 10

<210> 1391

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1391

Lys Asn Val Ser Glu Asp Leu Pro Leu Pro Thr Phe Ser Pro Thr Leu

1 5 10 15

Leu Gly Asp Ser

20

<210> 1392

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1392

Lys Asn Val Ser Glu Asp Leu Pro Leu Pro Thr

1 5 10

<210> 1393

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1393

Cys Asp Ser Gly Arg Val Arg Thr Asp Ala Pro Asp

1 5 10

<210> 1394

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1394

Phe Pro Glu His Leu Leu Val Asp Phe Leu Gln Ser Leu Ser

1 5 10

<210> 1395

<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1395
Asp Ala Glu Phe Arg His Asp Ser Gly
1 5

<210> 1396
<211> 16
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1396
His Tyr Ala Ala Ala Gln Trp Asp Phe Gly Asn Thr Met Cys Gln Leu
1 5 10 15

<210> 1397
<211> 13
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1397
Tyr Ala Ala Gln Trp Asp Phe Gly Asn Thr Met Cys Gln
1 5 10

<210> 1398
<211> 10
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1398

Arg Ser Gln Lys Glu Gly Leu His Tyr Thr

1 5 10

<210> 1399

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1399

Ser Ser Arg Thr Pro Ser Asp Lys Pro Val Ala His Trp Ala Asn Pro

1 5 10 15

Gln Ala Glu

<210> 1400

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1400

Ser Arg Thr Pro Ser Asp Lys Pro Val Ala His Trp Ala Asn Pro

1 5 10 15

<210> 1401

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1401

Ser Ser Arg Thr Pro Ser Asp Lys Pro

1 5

<210> 1402

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1402

Asn Ala Asp Gly Asn Val Asp Tyr His Met Asn Ser Val Pro

1 5 10

<210> 1403

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1403

Asp Gly Asn Val Asp Tyr His Met Asn Ser Val

1 5 10

<210> 1404

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1404

Arg Ser Phe Lys Glu Phe Leu Gln Ser Ser Leu Arg Ala Leu Arg Gln

1 5 10 15

<210> 1405

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1405

Phe Lys Glu Phe Leu Gln Ser Ser Leu Arg Ala

1 5 10

<210> 1406

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1406

Gln Met Trp Ala Pro Gln Trp Gly Pro Asp

1 5 10

<210> 1407

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1407

Arg Gly Asn Arg Gln Ala

1 5

<210> 1408

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1408

Ser Ser Ser Thr Asp Pro

1 5

<210> 1409

<211

> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1409

Ser Ser Asn Thr Ala Pro

1 5

<210> 1410

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1410

Ser Asn Ser Asn Leu Pro

1 5

<210> 1411

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1411

Ser Ser Thr Thr Ala Pro

1 5

<210> 1412

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1412

Ala Ala Asn Thr Ala Ala

1 5

<210> 1413

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1413

Gln Gln Asn Thr Ala Pro

1 5

<210> 1414

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1414

Ser Ala Gln Ala Gln Ala

1 5

<210> 1415

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1415

Gln Ala Asn Thr Gly Pro

1 5

<210> 1416

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1416

Asn Ala Thr Thr Ala Pro

1 5

<210> 1417

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1417

Ser Ser Thr Ala Gly Pro

1 5

<210> 1418

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1418

Gln Gln Asn Thr Ala Ala

1 5

<210> 1419

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1419

Pro Ser Thr Ala Gly Pro

1 5

<210> 1420

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1420

Asn Gln Asn Thr Ala Pro

1 5

<210> 1421

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1421

Gln Ala Ala Asn Ala Pro

1 5

<210> 1422

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1422

Ser Ile Val Gly Leu Pro

1 5

<210> 1423

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1423

Ala Ala Ser Thr Ala Ala

1 5

<210> 1424

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1424

Ser Gln Asn Thr Thr Ala

1 5

<210> 1425

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1425

Gln Gln Asp Thr Ala Pro

1 5

<210> 1426

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1426

Gln Thr Asn Thr Gly Pro

1 5

<210> 1427

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1427

Gln Thr Asn Gly Ala Pro

1 5

<210> 1428

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1428

Gln Gln Asn Ala Ala Pro
1 5

<210> 1429

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1429

Ala Ala Asn Thr Gln Ala
1 5

<210> 1430

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1430

Asn Gly Arg Ala His Ala
1 5

<210> 1431

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1431

Gln Pro Glu His Ser Ser Thr

1 5

<210> 1432

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1432

Val Asn Thr Ala Asn Ser Thr

1 5

<210> 1433

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1433

His Gly Pro Met Gln Lys Ser

1 5

<210> 1434

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1434

Pro His Lys Pro Pro Leu Ala

1 5

<210> 1435

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1435

Ile Lys Asn Asn Glu Met Trp

1 5

<210> 1436

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1436

Arg Asn Leu Asp Thr Pro Met

1 5

<210> 1437

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1437

Val Asp Ser His Arg Gln Ser

1 5

<210> 1438

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1438

Tyr Asp Ser Lys Thr Lys Thr

1 5

<210> 1439

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1439

Ser Gln Leu Pro His Gln Lys

1 5

<210> 1440

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1440

Ser Thr Met Gln Gln Asn Thr

1 5

<210> 1441

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1441

Thr Glu Arg Tyr Met Thr Gln
1 5

<210> 1442

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1442

Asp Ala Ser Leu Ser Thr Ser
1 5

<210> 1443

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1443

Asp Leu Pro Asn Lys Lys Thr
1 5

<210> 1444

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1444

Asp Leu Thr Ala Ala Arg Leu

1 5

<210> 1445

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1445

Glu Pro His Gln Phe Asn Tyr

1 5

<210> 1446

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1446

Glu Pro Gln Ser Asn His Thr

1 5

<210> 1447

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1447

Met Ser Ser Trp Pro Ser Gln

1 5

<210> 1448

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1448

Asn Pro Lys His Asn Ala Thr

1 5

<210> 1449

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1449

Pro Asp Gly Met Arg Thr Thr

1 5

<210> 1450

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1450

Pro Asn Asn Asn Lys Thr Thr

1 5

<210> 1451

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1451

Gln Ser Thr Thr His Asp Ser

1 5

<210> 1452

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1452

Thr Gly Ser Lys Gln Lys Gln

1 5

<210> 1453

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1453

Ser Leu Lys His Gln Ala Leu

1 5

<210> 1454

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1454

Ser Pro Ile Asp Gly Glu Gln

1 5

<210> 1455

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1455

Trp Ile Phe Pro Trp Ile Gln Leu

1 5

<210> 1456

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1456

Cys Asp Cys Arg Gly Asp Cys Phe Cys

1 5

<210> 1457

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1457

Cys Asn Gly Arg Cys

1 5

<210> 1458

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1458

Cys Pro Arg Glu Cys Glu Ser

1 5

<210> 1459

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1459

Cys Thr Thr His Trp Gly Phe Thr Leu Cys

1 5 10

<210> 1460

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1460

Cys Gly Arg Arg Ala Gly Gly Ser Cys

1 5

<210> 1461

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1461

Cys Lys Gly Gly Arg Ala Lys Asp Cys

1 5

<210> 1462

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1462

Cys Val Pro Glu Leu Gly His Glu Cys

1 5

<210> 1463

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1463

Cys Arg Arg Glu Thr Ala Trp Ala Lys

1 5

<210> 1464

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1464

Val Ser Trp Phe Ser His Arg Tyr Ser Pro Phe Ala Val Ser

1 5 10

<210> 1465

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1465

Gly Tyr Arg Asp Gly Tyr Ala Gly Pro Ile Leu Tyr Asn

1 5 10

<210> 1466

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (1)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(7)

<223> Any amino acid

<400> 1466

Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa

1 5

<210> 1467

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> VARIANT

<222> (2)..(2)

<223> /replace="Met"

<220><221> SITE

<222> (1)..(4)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1467

Tyr Glu Asn Trp

1

<210> 1468

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 1468

Arg Pro Leu Pro Pro Leu Pro

1 5

<210> 1469

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 1469

Ala Pro Pro Leu Pro Pro Arg

1 5

<210> 1470

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1470
Asp Val Phe Tyr Pro Tyr Pro Tyr Ala Ser Gly Ser
1 5 10

<210> 1471
<211> 6
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1471
Met Tyr Trp Tyr Pro Tyr
1 5

<210> 1472
<211> 12
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1472
Asp Ile Thr Trp Asp Gln Leu Trp Asp Leu Met Lys
1 5 10

<210> 1473
<211> 8
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> VARIANT

<222> (5)..(5)

<223> /replace="Leu

<220><221> SITE

<222> (1)..(8)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 1473

Cys Trp Asp Asp Gly Trp Leu Cys

1 5

<210> 1474

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1474

Glu Trp Cys Glu Tyr Leu Gly Gly Tyr Leu Arg Cys Tyr Ala

1 5 10

<210> 1475

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(5)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (8)..(8)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (11)..(11)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (13)..(13)

<223> Any amino acid

<400> 1475

Tyr Xaa Cys Xaa Xaa Gly Pro Xaa Thr Trp Xaa Cys Xaa Pro

1 5 10

<210> 1476

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1476

Ile Glu Gly Pro Thr Leu Arg Gln Trp Leu Ala Ala Arg Ala

1 5 10

<210> 1477

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(4)

<223> Any amino acid

<220><221> VARIANT
<222> (5)..(5)
<223> /replace="Trp" or "Phe" or "His
<220><221> SITE
<222> (1)..(5)
<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"
<400> 1477
Leu Trp Xaa Xaa Tyr
1 5
<210> 1478
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (1)..(1)

<223> Any amino acid
<220><221> MOD_RES
<222> (3)..(4)
<223> Any amino acid
<400> 1478
Xaa Phe Xaa Xaa Tyr Leu Trp
1 5
<210> 1479
<211> 13
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1479

Ser Ser Ile Ile Ser His Phe Arg Trp Gly Leu Cys Asp
1 5 10

<210> 1480

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1480

Met Ser Arg Pro Ala Cys Pro Pro Asn Asp Lys Tyr Glu
1 5 10

<210> 1481

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1481

Cys Leu Arg Ser Gly Arg Gly Cys
1 5

<210> 1482

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1482

Cys His Trp Met Phe Ser Pro Trp Cys

1 5

<210> 1483

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(3)

<223> Any amino acid

<400> 1483

Trp Xaa Xaa Phe

1

<210> 1484

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1484

Cys Ser Ser Arg Leu Asp Ala Cys

1 5

<210> 1485

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1485

Cys Leu Pro Val Ala Ser Cys

1 5

<210> 1486

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1486

Cys Gly Phe Glu Cys Val Arg Gln Cys Pro Glu Arg Cys

1 5 10

<210> 1487

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1487

Cys Val Ala Leu Cys Arg Glu Ala Cys Gly Glu Gly Cys

1 5 10

<210> 1488

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1488

Ser Trp Cys Glu Pro Gly Trp Cys Arg

1 5

<210> 1489

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1489

Tyr Ser Gly Lys Trp Gly Trp

1 5

<210> 1490

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1490

Gly Leu Ser Gly Gly Arg Ser

1 5

<210> 1491

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1491

Leu Met Leu Pro Arg Ala Asp

1 5

<210> 1492

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1492

Cys Ser Cys Phe Arg Asp Val Cys Cys

1 5

<210> 1493

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1493

Cys Arg Asp Val Val Ser Val Ile Cys

1 5

<210> 1494

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1494

Met Ala Arg Ser Gly Leu

1 5

<210> 1495

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1495

Met Ala Arg Ala Lys Glu

1 5

<210> 1496

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1496

Met Ser Arg Thr Met Ser

1 5

<210> 1497

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1497

Lys Cys Cys Tyr Ser Leu

1 5

<210> 1498

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1498

Met Tyr Trp Gly Asp Ser His Trp Leu Gln Tyr Trp Tyr Glu

1 5 10

<210> 1499

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1499

Met Gln Leu Pro Leu Ala Thr

1 5

<210> 1500

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1500

Glu Trp Leu Ser

1

<210> 1501

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1501

Ser Asn Glu Trp

1

<210> 1502

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1502

Thr Asn Tyr Leu

1

<210> 1503

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1503

Trp Asp Leu Ala Trp Met Phe Arg Leu Pro Val Gly

1 5 10

<210> 1504

<211> 13

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1504

Cys Thr Val Ala Leu Pro Gly Gly Tyr Val Arg Val Cys

1 5 10

<210> 1505

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1505

Cys Val Ala Tyr Cys Ile Glu His His Cys Trp Thr Cys

1 5 10

<210> 1506

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1506

Cys Val Phe Ala His Asn Tyr Asp Tyr Leu Val Cys

1 5 10

<210> 1507

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1507

Cys Val Phe Thr Ser Asn Tyr Ala Phe Cys

1 5 10

<210> 1508

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1508

Val His Ser Pro Asn Lys Lys

1 5

<210> 1509

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1509

Cys Arg Gly Asp Gly Trp Cys

1 5

<210> 1510

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (1)..(1)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<400> 1510

Xaa Arg Gly Cys Asp Xaa

1 5

<210> 1511

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(3)

<223> Any amino acid

<220>

<221> VARIANT

<222> (4)..(4)

<223> /replace="Thr

<220><221> SITE

<222> (1)..(4)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1511

Pro Xaa Xaa Ser

1

<210> 1512

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 1512

Ser Gly Lys Gly Pro Arg Gln Ile Thr Ala Leu

1 5 10

<210> 1513

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<220><221> VARIANT

<222> (10)..(10)

<223> /replace="Gln"

<220><221> VARIANT

<222> (11)..(11)

<223> /replace="Ala"

<220><221> VARIANT

<222> (12)..(12)

<223> /replace="Tyr"

<220><221> VARIANT

<222> (13)..(13)

<223> /replace="Val" or "Met" or "Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (14)..(14)

<223> /replace="Lys

<220><221> SITE

<222> (1)..(14)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no
preference with respect to those in the annotations
for variant positions"

<400> 1513

Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Asn Leu Thr Arg

1 5 10

<210> 1514

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 1514

Val Tyr Met Ser Pro Phe

1 5

<210> 1515

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1515

Ala Thr Trp Leu Pro Pro Arg

1 5

<210> 1516

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1516

His Thr Met Tyr Tyr His His Tyr Gln His His Leu

1 5 10

<210> 1517

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1517

Ser Glu Val Gly Cys Arg Ala Gly Pro Leu Gln Trp Leu Cys Glu Lys

1 5 10 15

Tyr Phe Gly

<210> 1518

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1518

Cys Gly Leu Leu Pro Val Gly Arg Pro Asp Arg Asn Val Trp Arg Trp

1 5 10 15

Leu Cys

<210> 1519

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1519

Cys Lys Gly Gln Cys Asp Arg Phe Lys Gly Leu Pro Trp Glu Cys

1 5 10 15

<210> 1520

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1520

Ser Gly Arg Ser Ala

1 5

<210> 1521

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1521

Trp Gly Phe Pro

1

<210> 1522

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1522

Ala Glu Pro Met Pro His Ser Leu Asn Phe Ser Gln Tyr Leu Trp Tyr

1 5 10 15

Thr

<210> 1523

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> VARIANT

<222> (4)..(4)

<223> /replace="Phe

<220><221> SITE

<222> (1)..(6)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 1523

Trp Ala Tyr Trp Ser Pro

1 5

<210> 1524

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1524

Ile Glu Leu Leu Gln Ala Arg

1 5

<210> 1525

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1525

Ala Tyr Thr Lys Cys Ser Arg Gln Trp Arg Thr Cys Met Thr Thr His

1 5 10 15

<210> 1526

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1526

Pro Gln Asn Ser Lys Ile Pro Gly Pro Thr Phe Leu Asp Pro His

1 5 10 15

<210> 1527

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 1527
Ser Met Glu Pro Ala Leu Pro Asp Trp Trp Trp Lys Met Phe Lys
1 5 10 15
<210> 1528
<211> 16
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<400> 1528
Ala Asn Thr Pro Cys Gly Pro Tyr Thr His Asp Cys Pro Val Lys Arg
1 5 10 15
<210> 1529
<211> 12
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220
><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<400> 1529
Thr Ala Cys His Gln His Val Arg Met Val Arg Pro
1 5 10
<210> 1530
<211> 12
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<400> 1530

Val Pro Trp Met Glu Pro Ala Tyr Gln Arg Phe Leu

1 5 10

<210> 1531

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1531

Asp Pro Arg Ala Thr Pro Gly Ser

1 5

<210> 1532

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1532

Phe Arg Pro Asn Arg Ala Gln Asp Tyr Asn Thr Asn

1 5 10

<210> 1533

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1533

Cys Thr Lys Asn Ser Tyr Leu Met Cys

1 5

<210> 1534

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> VARIANT

<222> (2)..(2)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (3)..(3)

<223> /replace="Arg"

<220><221> VARIANT

<222> (5)..(5)

<223> /replace="Asn"

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(7)

<223> Any amino acid

<220><221> VARIANT

<222> (9)..(9)

<223> /replace="Val

<220><221> SITE

<222> (1)..(11)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations for variant positions"

<400> 1534

Cys Gln Leu Thr Gly Xaa Xaa Gly Ala Gly Cys

1 5 10

<210> 1535

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1535

Cys Pro Ile Glu Asp Arg Pro Met Cys

1 5

<210> 1536

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1536

His Glu Trp Ser Tyr Leu Ala Pro Tyr Pro Trp Phe

1 5 10

<210> 1537

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1537

Met Cys Pro Lys His Pro Leu Gly Cys

1 5

<210> 1538

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1538

Arg Met Trp Pro Ser Ser Thr Val Asn Leu Ser Ala Gly Arg Arg

1 5 10 15

<210> 1539

<211> 20

<

212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1539

Ser Ala Lys Thr Ala Val Ser Gln Arg Val Trp Leu Pro Ser His Arg

1 5 10 15

Gly Gly Glu Pro

20

<210> 1540

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1540

Lys Ser Arg Glu His Val Asn Asn Ser Ala Cys Pro Ser Lys Arg Ile

1 5 10 15

Thr Ala Ala Leu

20

<210> 1541

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1541

Glu Gly Phe Arg

1

<210> 1542

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1542

Ala Gly Leu Gly Val Arg

1 5

<210> 1543

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1543

Gly Thr Arg Gln Gly His Thr Met Arg Leu Gly Val Ser Asp Gly

1 5 10 15

<210> 1544

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1544

Ile Ala Gly Leu Ala Thr Pro Gly Trp Ser His Trp Leu Ala Leu

1 5 10 15

<210> 1545

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1545

Ser Met Ser Ile Ala Arg Leu

1 5

<210> 1546

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1546

His Thr Phe Glu Pro Gly Val

1 5

<210> 1547

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1547

Asn Thr Ser Leu Lys Arg Ile Ser Asn Lys Arg Ile Arg Arg Lys

1 5 10 15

<210> 1548

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1548

Leu Arg Ile Lys Arg Lys Arg Arg Lys Arg Lys Lys Thr Arg Lys

1 5 10 15

<210> 1549

<211> 21

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 1549

agcvvmdcag garscascaa c 21

<210> 1550

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1550

Ser Asp Ser Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1551

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1551

Ser Pro Ser Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1552

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1552

Ser His Ser Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1553

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1553

Ser Arg Ser Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1554

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1554

Ser Lys Ser Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1555

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<400> 1555
Ser Asn Ser Gly Ala Ser Asn

1 5
<210> 1556
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<400> 1556
Ser Gly Ser Gly Ala Ser Asn
1 5
<210> 1557
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<400> 1557
Ser Ala Ser Gly Ala Ser Asn
1 5
<210> 1558

<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<400> 1558

Ser Glu Ser Gly Thr Ser Asn

1 5

<210> 1559

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1559

Ser Thr Thr Gly Gly Ser Asn

1 5

<210> 1560

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1560

Ser Ser Ala Gly Ser Thr Asn

1 5

<210> 1561

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1561

Asn Asn Asp Ser Gln Ala

1 5

<210> 1562

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1562

Asn Asn Arg Asn Gln Ala

1 5

<210> 1563

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1563

Asn Asn Asn Lys Gln Ala

1 5

<210> 1564

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1564

Asn Ala Lys Arg Gln Ala

1 5

<210> 1565

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1565

Asn Asp Glu His Gln Ala
1 5

<210> 1566

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1566

Asn Thr Ser Gln Lys Ala
1 5

<210> 1567

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1567

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Asp Thr Gln Ser
1 5 10 15

Arg Leu Val Phe Ser Gln Ala Gly Ala
20 25

<210> 1568

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1568

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Asp Ser Gly Thr Glu Thr Gln Ser

1 5 10 15

Gly Leu Asp Phe Ser Gln Ala Gly Ala

20 25

<210> 1569

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1569

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Glu Ser Gly Thr Pro Thr Gln Ser

1 5 10 15

Ala Leu Glu Phe Ser Gln Ala Gly Ala

20 25

<210> 1570

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1570

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr His Ser Gly Thr His Thr Gln Ser

1 5 10 15

Pro Leu His Phe Ser Gln Ala Gly Ala

20 25

<210> 1571

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1571

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Ser Ser Gly Thr Ile Thr Ile Ser

1 5 10 15

His Leu Ile Phe Ser Gln Ala Gly Ala

20 25

<210> 1572

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1572

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Arg Ser Gly Ile Met Thr Lys Ser

1 5 10 15

Ser Leu Met Phe Ser Gln Ala Gly Ala

20 25

<210> 1573

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1573

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Lys Ser Gly Arg Lys Thr Leu Ser

1 5 10 15

Asn Leu Ser Phe Ser Gln Ala Gly Ala

20 25

<210> 1574

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1574

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Asp Gly Ser Gly Pro Val Thr Pro Ser
1 5 10 15

Lys Leu Arg Phe Ser Gln Arg Gly Ala
20 25

<210> 1575

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1575

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Ala Ala Ser Gly His Ala Thr His Ser

1 5 10 15

Asp Leu Lys Phe Ser Gln Pro Gly Ala
20 25

<210> 1576

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1576

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Gly Gln Ala Gly Ser Leu Thr Met Ser
1 5 10 15

Glu Leu Gly Phe Ser Gln Val Gly Ala
20 25

<210> 1577
<211> 25
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1577
Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Ser Thr Gly Gly Asn Gln Thr Thr Ser
1 5 10 15
Gln Leu Leu Phe Ser Gln Leu Ser Ala
20 25
<210> 1578
<211> 25
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<400> 1578
Tyr Phe Leu Ser Arg Thr Asn Asn Asn Thr Gly Leu Asn Thr Asn Ser
1 5 10 15
Thr Leu Asn Phe Ser Gln Gly Arg Ala
20 25
<210> 1579
<211> 16
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1579

Ser Lys Thr Gly Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1580

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1580

Ser Lys Thr Asp Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1581

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1581

Ser Lys Thr Glu Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1582

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1582

Ser Lys Thr Pro Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1583

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1583

Ser Lys Thr His Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1584

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1584

Ser Lys Thr Gln Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1585

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1585

Ser Lys Thr Ile Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1586

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1586

Ser Lys Thr Met Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1587

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1587

Ser Lys Thr Arg Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1588

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1588

Ser Lys Thr Asn Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1589

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1589

Ser Lys Thr Val Gly Arg Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1590

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1590

Ser Lys Thr Ala Asp Arg Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1591

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1591

Ser Lys Lys Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser Lys Tyr Ser Trp Gln Gly

1 5 10 15

<210> 1592

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1592

Ser Lys Pro Thr Thr Gly Asn Asn Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Pro Gly

1 5 10 15

<210> 1593

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1593

Ser Thr Gln Lys Asn Glu Asn Asn Asn Ser Asn Tyr Ser Trp Pro Gly

1 5 10 15

<210> 1594

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1594

His Lys Asp Asp Glu Gly Lys Phe

1 5

<210> 1595

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1595

His Lys Asp Asp Asn Arg Lys Phe

1 5

<210> 1596

<211> 8

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1596

His Lys Asp Asp Thr Asn Lys Phe

1 5

<210> 1597

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1597

His Glu Asp Ser Asp Lys Asn Phe

1 5

<210> 1598

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1598

His Arg Asp Gly Ala Asp Ser Phe

1 5

<210> 1599

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1599

His Gly Asp Asn Lys Ser Arg Phe

1 5

<210> 1600

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1600

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Phe Glu Glu Val

1 5 10

<210> 1601

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1601

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ser Glu Glu Val

1 5 10

<210> 1602

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221>

source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1602

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Val Glu Glu Val

1 5 10

<210> 1603

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1603

Lys Gln Gly Ser Asp Lys Thr Asn Val Asp Asp Ala Gly Val

1 5 10

<210

> 1604

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1604

Lys Gln Gly Ser Ser Lys Thr Asn Val Asp Pro Arg Glu Val

1 5 10

<210> 1605

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1605

Lys Gln Gly Ser Arg Lys Thr Asn Val Asp His Lys Gln Val

1 5 10

<210> 1606

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1606

Lys Gln Gly Ser Lys Gly Gly Asn Val Asp Thr Asn Arg Val

1 5 10

<210> 1607

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1607

Lys Gln Gly Ser Gly Glu Ala Asn Val Asp Asn Gly Asp Val

1 5 10

<210> 1608

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1608

Lys Gln Asp Ala Ala Ala Asp Asn Ile Asp Tyr Asp His Val

1 5 10

<210> 1609

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1609

Lys Gln Ser Gly Thr Arg Ser Asn Ala Ala Ala Ser Ser Val

1 5 10

<210> 1610

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1610

Lys Glu Asn Thr Asn Thr Asn Asp Thr Glu Leu Thr Asn Val

1 5 10

<210> 1611

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221>

source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1611

Gln Arg Gly Asn Asn Val Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr

1 5 10

<210> 1612

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1612

Gln Arg Gly Asn Asn Glu Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr

1 5 10

<210

> 1613

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1613

Gln Arg Gly Asn Asn Pro Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr

1 5 10

<210> 1614

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1614

Gln Arg Gly Asn Asn His Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr

1 5 10

<210> 1615

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1615

Gln Glu Glu Asn Asn Ile Ala Ala Thr Pro Gly Val Asn Thr

1 5 10

<210> 1616

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1616

Gln Pro Pro Asn Asn Met Ala Ala Thr His Glu Val Asn Thr

1 5 10

<210> 1617

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1617

Gln His His Asn Asn Ser Ala Ala Thr Thr Ile Val Asn Thr

1 5 10

<210> 1618

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1618

Gln Thr Thr Asn Asn Arg Ala Ala Phe Asn Met Val Glu Thr

1 5 10

<210> 1619

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1619

Gln Lys Lys Asn Asn Asn Ala Ala Ser Lys Lys Val Ala Thr

1 5 10

<210> 1620

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1620

Gln Gly Gly Asn Asn Lys Ala Ala Asp Asp Ala Val Lys Thr

1 5 10

<210> 1621

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1621

Gln Ala Ala Lys Gly Gly Ala Ala Asp Asp Ala Val Lys Thr

1 5 10

<210> 1622

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1622

Gln Asp Asp Arg Ala Ala Ala Ala Asn Glu Ser Val Asp Thr

1 5 10

<210> 1623

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1623

Gln Gln Gln His Asp Asp Ala Ala Tyr Gln Arg Val His Thr

1 5 10

<210> 1624

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1624

Gln Ser Ser Ser Ser Leu Ala Ala Val Ser Thr Val Gln Thr

1 5 10

<210> 1625

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1625

Gln Asn Asn Gln Thr Thr Ala Ala Ile Arg Asn Val Thr Thr

1 5 10

<210> 1626

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1626

Asn Tyr Asn Lys Lys Ser Asp Asn Val Asp Phe Thr

1 5 10

<210> 1627

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1627

Asn Tyr Asn Lys Lys Ser Glu Asn Val Asp Phe Thr

1 5 10

<210> 1628

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1628

Asn Tyr Asn Lys Lys Ser Leu Asn Val Asp Phe Thr

1 5 10

<210> 1629

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1629

Asn Tyr Asn Lys Lys Ser Pro Asn Val Asp Phe Thr

1 5 10

<210> 1630

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1630

Asn Tyr Ser Lys Lys Ser His Cys Val Asp Phe Thr

1 5 10

<210> 1631

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1631

Asn Tyr Arg Lys Thr Ile Tyr Val Asp Phe Thr

1 5 10

<210> 1632

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1632

Asn Tyr Lys Glu Lys Lys Asp Val His Phe Thr

1 5 10

<210> 1633

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1633

Asn Tyr Gly His Arg Ala Ile Val Gln Phe Thr

1 5 10

<210> 1634

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1634

Asn Tyr Ala Asn His Gln Phe Val Val Cys Thr

1 5 10

<210> 1635

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1635

Asn Tyr Asp Asp Asp Pro Thr Gly Val Leu Leu Thr

1 5 10

<210> 1636

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1636

Asn Tyr Asp Asp Pro Thr Gly Val Leu Leu Thr

1 5 10

<210> 1637

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1637

Asn Phe Glu Gln Gln Asn Ser Val Glu Trp Thr

1 5 10

<210> 1638

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1638

Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1639

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1639

Asn Asn Gly Ser Gln Ala

1 5

<210> 1640

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1640

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Trp Ser

1 5 10 15

Arg Leu Gln Phe Ser Gln Ala Gly Ala

20 25

<210> 1641

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1641

Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly

1 5 10 15

<210> 1642

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1642

His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe

1 5

<210> 1643

<211> 14

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1643

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Glu Val

1 5 10

<210> 1644

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1644

Gln Arg Gly Asn Asn Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr

1 5 10

<210> 1645

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1645

Asn Tyr Asn Lys Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr

1 5 10

<210> 1646

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1646

Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Tyr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr

1 5 10 15

Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu

20 25 30

Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

35 40

<210> 1647

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1647

Ser Ala Ser Gly Ala Ser Asn Phe Asn Ser Glu Gly Gly Ser Leu Thr

1 5 10 15

Gln Ser Ser Leu Gly Phe Ser Thr Asp Gly Glu Asn Asn Asn Ser Asp

20 25 30

Phe Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

35 40

<210> 1648

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1648

Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Tyr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr

1 5 10 15

Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Thr Asp Gly Glu Asn Asn Asn Ser Asp

20 25 30

Phe Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

35 40

<210> 1649

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1649

Ser Ala Ser Gly Ala Ser Asn Tyr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr

1 5 10 15

Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu

20 25 30

Phe Ser Trp Pro Gly Ala Thr Thr Tyr His

35 40

<210> 1650

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1650

Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Phe Asn Ser Glu Gly Gly Ser Leu Thr

1 5 10 15

Gln Ser Ser Leu Gly Phe Ser Thr Asp Gly Glu Asn Asn Asn Ser Asp

20 25 30

Phe Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

35 40

<210> 1651

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1651

Ser Ala Ser Gly Ala Ser Asn Tyr Asn Thr Pro Ser Gly Ser Leu Thr

1 5 10 15

Gln Ser Ser Leu Gly Phe Ser Thr Asp Gly Glu Asn Asn Asn Ser Asp

20 25 30

Phe Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

35 40

<210> 1652

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1652

Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Tyr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr

1 5 10 15

Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Asp

20 25 30

Phe Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

35 40

<210> 1653

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1653

Ser Gly Ala Gly Ala Ser Asn Phe Asn Ser Glu Gly Gly Ser Leu Thr

1 5 10 15

Gln Ser Ser Leu Gly Phe Ser Thr Asp Gly Glu Asn Asn Asn Ser Asp

20 25 30

Phe Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

35 40

<210> 1654

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1654

Ser Gly Ala Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1655

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1655

Asn Ser Glu Gly Gly Ser Leu Thr Gln Ser Ser Leu Gly Phe Ser

1 5 10 15

<210> 1656

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1656

Thr Asp Gly Glu Asn Asn Asn Ser Asp Phe Ser

1 5 10

<210> 1657

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1657

Ser Glu Phe Ser Trp Pro Gly Ala Thr Thr

1 5 10

<210> 1658

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1658

Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Asp Phe Ser Trp Thr

1 5 10

<210> 1659

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1659

Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Tyr

1 5

<210> 1660

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1660

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

1 5 10 15

<210> 1661

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1661

Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr

1 5 10 15

Lys Tyr His

<210> 1662

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1662

Ser Ala Ser Gly Ala Ser Asn Phe

1 5

<210> 1663

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1663

Thr Asp Gly Glu Asn Asn Asn Ser Asp Phe Ser Trp Thr Gly Ala Thr

1 5 10 15

Lys Tyr His

<210> 1664

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1664

Ser Ala Ser Gly Ala Ser Asn Tyr

1 5

<210> 1665

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1665

Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ser Trp Pro Gly Ala Thr
1 5 10 15

Thr Tyr His

<210> 1666

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1666

Asn Thr Pro Ser Gly Ser Leu Thr Gln Ser Ser Leu Gly Phe Ser
1 5 10 15

<210> 1667

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1667

Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Asp Phe Ser Trp Thr Gly Ala Thr

1 5 10 15

Lys Tyr His

<210> 1668

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 1668

Ser Gly Ala Gly Ala Ser Asn Phe

1 5

<210> 1669

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<220

><221> modified_base

<222> (20)..(20)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (35)..(35)

<223> a, c, t, or g

<400> 1669

ctccagvvsv vsmrsrvcvn sgcagctdhc vvsrnsgtcv msacacaa 48

<210> 1670

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1670

ctccagagag gcaacagaca agcagctacc gcagatgtca acacacaa 48

<210> 1671

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1671

Ser Ala Ala Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1672

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1672

Tyr Phe Leu Ser Arg Thr Asn Thr Glu Ser Gly Ser Thr Thr Gln Ser

1 5 10 15

Thr Leu Arg Phe Ser Gln Ala Gly

20

<210> 1673

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1673

Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Asp Phe Ser

1 5 10

<210> 1674

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1674

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asp Val Asp Ile Asp Lys Val

1 5 10

<210> 1675

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1675

Ser Thr Ala Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1676

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1676

Tyr Phe Leu Ser Arg Thr Asn Thr Thr Ser Gly Ile Glu Thr Gln Ser

1 5 10 15

Thr Leu Arg Phe Ser Gln Ala Gly

20

<210> 1677

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1677

Ser Lys Thr Asp Gly Glu Asn Asn Asn Ser Asp Phe Ser

1 5 10

<210> 1678

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1678

Lys Gln Gly Ala Ala Ala Asp Asp Val Glu Ile Asp Gly Val

1 5 10

<210> 1679

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1679

Ser Glu Ala Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1680

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1680

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser
1 5 10 15

Arg Leu Gln Phe Ser Gln Ala Gly
20

<210> 1681

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1681

Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser
1 5 10

<210> 1682

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1682

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val
1 5 10

<210> 1683

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1683

Tyr Phe Leu Ser Arg Thr Asn Asp Ala Ser Gly Ser Asp Thr Lys Ser

1 5 10 15

Thr Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly

20

<210> 1684

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1684

Ser Thr Thr Pro Ser Glu Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser

1 5 10

<210> 1685

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1685

Ser Ala Ala Gly Ala Thr Asn

1 5

<210> 1686

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1686

Tyr Phe Leu Ser Arg Thr Asn Gly Glu Ala Gly Ser Ala Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Leu Arg Phe Ser Gln Ala Gly

20

<210> 1687

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1687

His Gly Asp Asp Ala Asp Arg Phe

1 5

<210> 1688

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1688

Lys Gln Gly Ala Glu Lys Ser Asp Val Glu Val Asp Arg Val

1 5 10

<210> 1689

<211> 14

<212> PRT

<213>

Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1689

Lys Gln Asp Ser Gly Gly Asp Asn Ile Asp Ile Asp Gln Val

1 5 10

<210> 1690

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1690

Ser Asp Ala Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1691

<211> 24

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1691

Tyr Phe Leu Ser Arg Thr Asn Thr Glu Gly Gly His Asp Thr Gln Ser

1 5 10 15

Thr Leu Arg Phe Ser Gln Ala Gly

20

<210> 1692

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400

> 1692

Lys Glu Asp Gly Gly Gly Ser Asp Val Ala Ile Asp Glu Val

1 5 10

<210> 1693

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1693

Ser Asn Ala Gly Ala Ser Asn

1 5

<210> 1694

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1694

Tyr Phe Leu Ser Arg Thr Asn Gly Glu Ala Gly Ser Ala Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Leu Arg Phe Ser Gln Pro Gly

20

<210> 1695

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1695

agcvvmdcag garscascaa c 21

<210> 1696

<211> 18

<212> DNA

<213

> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1696

aacracrrsm rsmaggca 18

<210> 1697

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1697

cacrrggacr rcrmsrrsar sttt 24

<210> 1698

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (35)..(35)

<223> a, c, t, or g

<400> 1698

tatttcttga gcagaacaaa crvcvvsrsc ggamncvhsa cgmhstcavv scttvdsttt 60

tctcagsbcr gsgcg 75

<210> 1699

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (11)..(11)

<223> a, c, t, or g

<400> 1699

tcaamammav nsrvcsrsaa caacaacagt rasttctcgt ggmmagga 48

<210> 1700

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (31)..(31)

<223> a, c, t, or g

<400> 1700

aagsaarrcr scrvsrvarv cratrycgms nhcrvmvrsg tc 42

<210

> 1701

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (17)..(17)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (32)..(32)

<223> a, c, t, or g

<400> 1701

cagvvsvvsm rsrvcvnsgc agctdhcvvs rnsgtcvmsa ca 42

<210> 1702

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1702

aactwcrvsv asmvsvhsdd tgtgswstks act 33

<210> 1703

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1703

ttgttgaaca tcaccacgtg acgcacgttc 30

<210> 1704

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1704

tccccgtggt tctactacat aatgtggccg 30

<210> 1705

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 1705
ttccacactc cgttttggat aatgttgaac 30
<210> 1706
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 1706
agggacatcc ccagctccat gctgtggtcg 30
<210> 1707
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 1707
agggacaacc cctccgactc gccctaatcc 30
<210> 1708
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 1708
tcctagtaga agacaccctc tcactgcccg 30
<210> 1709
<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1709

agtaccatgt acacccactc tcccagtgcc 30

<210> 1710

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1710

atatggacgt tcatgctgat caccataccg 30

<210> 1711

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1711

agcaggagct ccttggcctc agcgtgcgag 30

<210> 1712

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1712

acaagcagct tcactatgac aaccactgac 30

<210> 1713

<211> 284

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (59)..(59)

<223> a, c, t, or g

<220><221> modified_base

<222> (244)..(244)

<223> a, c, t, or g

<400> 1713

cagcctagga actggcttcc tggaccctgt taccgccagc agagagtctc aamammavns 60

rvcsrsaaca acaacagtra sttctcctgg mmaggagcta ccaagtacca cctcaatggc 120

agagactctc tggtgaatcc cggaccagct atggcaagcc acrrggacrr crmsrrsars 180

ttttttcctc agagcggggt tctcatcttt gggaagsaar rcrscrvsrv arvcratryc 240

gmsnhcrvmv rsgtcatgat tacagacgaa gaggagatct ggac 284

<210> 1714

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1714

tgggacaatg gcggtcgtct ctcagagttk tkkt 34

<210> 1715

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1715

agaggacckk tcctcgatgg ttcatggtgg agtta 35

<210> 1716

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1716

ccacttaggg cctggtcgat accgttcggt g 31

<210> 1717

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1717

tctcgcccca agagtagaaa cccttcstty yg 32

<210> 1718

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 1718

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1719

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 1719

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1720

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1720

Gly Ser Thr Pro Pro Pro Met

1 5

<210> 1721

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1721

Gly Glu Thr Arg Ala Pro Leu

1 5

<210> 1722

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1722

Ser Pro Ala Lys Phe Ala

1 5

<210> 1723

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1723

Asn Lys Asp Lys Leu Asn

1 5

<210> 1724

<211> 12

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1724

agaaagaggc ga 12

<210> 1725

<211> 12

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1725

cgggccaagc gg 12

<210> 1726

<211> 54

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1726

gagggcagag gaagtcttct aacatgcggt gacgtggagg agaatcccgg ccct 54

<210> 1727

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1727

ggaagcggag tgaaacagac tttgaatttt gaccttctca agttggcggg agacgtggag 60

tccaaccctg gacct 75

<210> 1728

<211> 66

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1728

ggaagcggag ctactaactt cagcctgctg aagcaggctg gagacgtgga ggagaaccct 60

ggacct 66

<210> 1729

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1729

tccggaggcg gcggcagc 18

<210> 1730

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1730

ggaggggggg gttcgggtgg cggcggaagt gggggcggtg gttct 45

<210> 1731

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1731

ggcggaggtg gctccggagg cggaggcagc ggcggaggtg ggtctggcgg aggcgggtgc 60

ggcggaggtg gctcc 75

<210> 1732

<211> 609

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1732

aattccgccc ctctcccccc ccccctctc cctcccccc ccctaacgtt actggccgaa 60

gccgcttgga ataaggccgg tgtgcgtttg tctatatgtt attttccacc atattgccgt 120

cttttggcaa tgtgagggcc cggaaacctg gccctgtctt cttgacgagc attcctaggg 180

gtctttcccc tctcgccaaa ggaatgcaag gtctgttgaa tgtcgtgaag gaagcagttc 240

ctctggaagc ttcttgaaga caaacaacgt ctgtagcgac cctttgcagg cagcggaacc 300

ccccacctgg cgacaggtgc ctctgcggcc aaaagccacg tgtataagat acacctgcaa 360

aggcggcaca accccagtgc cacgttgtga gttggatagt tgtggaaaga gtcaaatggc 420

tctcctcaag cgtattcaac aaggggctga aggatgccca gaaggtaccc cattgtatgg 480

gatctgatct ggggcctcgg tgcacatgct ttacatgtgt ttagtcgagg ttaaaaaaac 540

gtctaggccc cccgaaccac ggggacgtgg ttttcctttg aaaaacacga tgataatatg 600

gccacaacc 609

<210> 1733

<211> 623

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1733

taacgaattc cgcccctctc ccccccccc ctctccctcc ccccccccta acgttactgg 60

ccgaagccgc ttggaataag gccggtgtgc gtttgtctat atgttatttt ccaccatatt 120

gccgtctttt ggcaatgtga gggcccggaa acctggccct gtcttcttga cgagcattcc 180

taggggtctt tcccctctcg ccaaaggaat gcaaggtctg ttgaatgtcg tgaaggaagc 240

agttcctctg gaagcttctt gaagacaaac aacgtctgta gcgacccttt gcaggcagcg 300

gaaccccca cctggcgaca ggtgcctctg cggccaaaag ccacgtgtat aagatacacc 360

tgcaaaggcg gcacaacccc agtgccacgt tgtgagttgg atagttgtgg aaagagtcaa 420

atggctctcc tcaagcgtat tcaacaaggg gctgaaggat gcccagaagg taccccattg 480

tatgggatct gatctggggc ctcggtgcac atgctttaca tgtgtttagt cgaggttaaa 540

aaaacgtcta ggccccccga accacgggga cgtggttttc ctttgaaaaa cacgatgata 600

atatggccac aaccgccgcc acc 623

<210> 1734

<211> 54

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1734

gtggagagga agtgctgcgt ggagtgccca ccatgccctg cccctcctgt ggcc 54

<210> 1735

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1735

gagctcaaaa ccccacttgg tgacacaact cacacatgcc cacggtgccc agagcccaaa 60

tcttgtgaca cacctccccc gtgcccacgg tgcccagcac ctgaactc 108

<210> 1736

<211> 153

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1736

gagctcaaaa ccccacttgg tgacacaact cacacatgcc cacggtgccc agagcccaaa 60

tcttgtgaca cacctccccc gtgcccacgg tgcccagagc ccaaatcttg tgacacacct 120

cccccatgcc cacggtgccc agcacctgaa ctc 153

<210> 1737

<211> 198

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1737

gagctcaaaa ccccacttgg tgacacaact cacacatgcc cacggtgccc agagcccaaa 60

tcttgtgaca cacctccccc gtgcccacgg tgcccagagc ccaaatcttg tgacacacct 120

cccccatgcc cacggtgccc agagcccaaa tcttgtgaca cacctccccc gtgcccaagg 180

tgcccagcac ctgaactc 198

<210> 1738

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1738

gtgcccaggg attgtggttg taagccttgc atatgtacag tccca 45

<210> 1739

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1739

gtgcccaggg attgtggt 18

<210> 1740

<211> 536

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1740

Met Glu Phe Ser Ser Pro Ser Arg Glu Glu Cys Pro Lys Pro Leu Ser
1 5 10 15

Arg Val Ser Ile Met Ala Gly Ser Leu Thr Gly Leu Leu Leu Leu Gln
20 25 30

Ala Val Ser Trp Ala Ser Gly Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe
35 40 45

Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser
50 55 60

Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu
65 70 75 80

Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln
85 90 95

Ala Asn His Thr Gly Thr Gly Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln
100 105 110

Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala

115 120 125

Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu

130 135 140

Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val

145 150 155 160

Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp

165 170 175

Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp

180 185 190

Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln

195 200 205

Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu

210 215 220

Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro

225 230 235 240

Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu

245 250 255

Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu

260 265 270

Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu

275 280 285

Gly Phe Thr Pro Glu His Gln Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly

290 295 300

Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu

305 310 315 320

Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr

325 330 335

Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr

340 345 350

Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg

355 360 365

Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser
370 375 380
Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met
385 390 395 400
Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly
405 410 415
Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp

420 425 430
Val Arg Asn Phe Val Asp Ser Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp
435 440 445
Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys
450 455 460
Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys
465 470 475 480
Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val

485 490 495
Val Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys
500 505 510
Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile
515 520 525
His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg Gln
530 535

<210> 1741
<211> 2291
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 1741

ggaattactt gcagggctaa cctagtgcct atagctaagg caggtacctg catccttgtt 60

tttgtttagt ggatcctcta tccttcagag actctggaac ccctgtggtc ttctcttcat 120
ctaatgaccc tgaggggatg gagttttcaa gtccttccag agaggaatgt cccaagcctt 180
tgagtagggt aagcatcatg gctggcagcc tcacaggatt gcttctactt caggcagtgt 240
cgtgggcatc aggtgcccgc ccctgcatcc ctaaaagctt cggctacagc tcggtggtgt 300

gtgtctgcaa tgccacatac tgtgactcct ttgacccccc gacctttcct gcccttggta 360

ccttcagccg ctatgagagt acacgcagtg ggcgacggat ggagctgagt atggggccca 420

tccaggctaa tcacacgggc acaggcctgc tactgaccct gcagccagaa cagaagttcc 480

agaaagtgaa gggatttgga ggggccatga cagatgctgc tgctctcaac atccttgccc 540

tgtcaccccc tgcccaaaat ttgctactta aatcgtactt ctctgaagaa ggaatcggat 600

ataacatcat ccgggtaccc atggccagct gtgacttctc catccgcacc tacacctatg 660

cagacacccc tgatgatttc cagttgcaca acttcagcct cccagaggaa gataccaagc 720

tcaagatacc cctgattcac cgagccctgc agttggccca gcgtcccgtt tcactccttg 780

ccagcccctg gacatcaccc acttggctca agaccaatgg agcggtgaat gggaaggggt 840

cactcaaggg acagcccgga gacatctacc accagacctg ggccagatac tttgtgaagt 900

tcctggatgc ctatgctgag cacaagttac agttctgggc agtgacagct gaaaatgagc 960

cttctgctgg gctgttgagt ggataccccc tccagtgcct gggcttcacc cctgaacatc 1020

agcgagactt cattgcccgt gacctaggtc ctaccctcgc caacagtact caccacaatg 1080

tccgcctact catgctggat gaccaacgct tgctgctgcc ccactgggca aaggtggtac 1140

tgacagaccc agaagcagct aaatatgttc atggcattgc tgtacattgg tacctggact 1200

ttctggctcc agccaaagcc accctagggg agacacaccg cctgttcccc aacaccatgc 1260

tctttgcctc agaggcctgt gtgggctcca agttctggga gcagagtgtg cggctaggct 1320

cctgggatcg agggatgcag tacagccaca gcatcatcac gaacctcctg taccatgtgg 1380

tcggctggac cgactggaac cttgccctga accccgaagg aggacccaat tgggtgcgta 1440

actttgtcga cagtcccatc attgtagaca tcaccaagga cacgttttac aaacagccca 1500

tgttctacca ccttggccac ttcagcaagt tcattcctga gggctcccag agagtggggc 1560

tggttgccag tcagaagaac gacctggacg cagtggcact gatgcatccc gatggctctg 1620

ctgttgtggt cgtgctaaac cgctcctcta aggatgtgcc tcttaccatc aaggatcctg 1680

ctgtgggctt cctggagaca atctcacctg gctactccat tcacacctac ctgtggcgtc 1740

gccagtgatg gagcagatac tcaaggaggc actgggctca gcctgggcat taaagggaca 1800

gagtcagctc acacgctgtc tgtgactaaa gagggcacag cagggccagt gtgagcttac 1860

agcgacgtaa gcccaggggc aatggtttgg gtgactcact ttcccctcta ggtggtgcca 1920

ggggctggag gcccctagaa aaagatcagt aagccccagt gtccccccag cccccatgct 1980

tatgtgaaca tgcgctgtgt gctgcttgct ttggaaactg ggcctgggtc caggcctagg 2040

gtgagctcac tgtccgtaca aacacaagat cagggctgag ggtaaggaaa agaagagact 2100

aggaaagctg ggcccaaaac tggagactgt ttgtctttcc tggagatgca gaactgggcc 2160

cgtggagcag cagtgtcagc atcagggcgg aagccttaaa gcagcagcgg gtgtgcccag 2220

gcacccagat gattcctatg gcaccagcca ggaaaaatgg cagctcttaa aggagaaaat 2280

gtttgagccc a 2291

<210> 1742

<211> 536

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1742

Met Glu Phe Ser Ser Pro Ser Arg Glu Glu Cys Pro Lys Pro Leu Ser
1 5 10 15

Arg Val Ser Ile Met Ala Gly Ser Leu Thr Gly Leu Leu Leu Leu Gln
20 25 30

Ala Val Ser Trp Ala Ser Gly Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe
35 40 45

Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser
50 55 60

Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu
65 70 75 80

Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln
85 90 95

Ala Asn His Thr Gly Thr Gly Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln
100 105 110

Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala
115 120 125

Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu
130 135 140

Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val
145 150 155 160

Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp
165 170 175

Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp
180 185 190
Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln
195 200 205
Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu
210 215 220

Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro
225 230 235 240
Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu
245 250 255
Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu
260 265 270
Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu
275 280 285

Gly Phe Thr Pro Glu His Gln Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly
290 295 300
Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu
305 310 315 320
Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr
325 330 335
Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr
340 345 350

Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg
355 360 365
Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser
370 375 380
Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met
385 390 395 400
Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly
405 410 415

Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp

420 425 430

Val Arg Asn Phe Val Asp Ser Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp

435 440 445

Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys

450 455 460

Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys

465 470 475 480

Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val

485 490 495

Val Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys

500 505 510

Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile

515 520 525

His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg Gln

530 535

<210> 1743

<211> 2344

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1743

atcctgcctt cagagtctta ctgcgcgggg ccccagtctc cagtcccgcc caggcgcctt 60

tgcaggctgc ggtgggattt cgttttgcct ccggttgggg ctgctgtttc tcttcgccga 120

cgtggatcct ctatccttca gagactctgg aacccctgtg gtcttctctt catctaatga 180

ccctgagggg atggagtttt caagtccttc cagagaggaa tgtcccaagc ctttgagtag 240

ggtaagcatc atggctggca gcctcacagg attgcttcta cttcaggcag tgtcgtgggc 300

atcaggtgcc cgcccctgca tccctaaaag cttcggctac agctcggtgg tgtgtgtctg 360

caatgccaca tactgtgact cctttgaccc cccgaccttt cctgcccttg gtaccttcag 420

ccgctatgag agtacacgca gtgggcgacg gatggagctg agtatggggc ccatccaggc 480

taatcacacg ggcacaggcc tgctactgac cctgcagcca gaacagaagt tccagaaagt 540

gaagggattt ggaggggcca tgacagatgc tgctgctctc aacatccttg ccctgtcacc 600

ccctgcccaa aatttgctac ttaaatcgta cttctctgaa gaaggaatcg gatataacat 660

catccgggta cccatggcca gctgtgactt ctccatccgc acctacacct atgcagacac 720

ccctgatgat ttccagttgc acaacttcag cctcccagag gaagatacca agctcaagat 780

acccctgatt caccgagccc tgcagttggc ccagcgtccc gtttcactcc ttgccagccc 840

ctggacatca cccacttggc tcaagaccaa tggagcggtg aatgggaagg ggtcactcaa 900

gggacagccc ggagacatct accaccagac ctgggccaga tactttgtga agttcctgga 960

tgcctatgct gagcacaagt tacagttctg ggcagtgaca gctgaaaatg agccttctgc 1020

tgggctgttg agtggatacc ccttccagtg cctgggcttc acccctgaac atcagcgaga 1080

cttcattgcc cgtgacctag gtcctaccct cgccaacagt actcaccaca atgtccgcct 1140

actcatgctg gatgaccaac gcttgctgct gccccactgg gcaaaggtgg tactgacaga 1200

cccagaagca gctaaatatg ttcatggcat tgctgtacat tggtacctgg actttctggc 1260

tccagccaaa gccaccctag gggagacaca ccgcctgttc cccaacacca tgctctttgc 1320

ctcagaggcc tgtgtgggct ccaagttctg ggagcagagt gtgcggctag gctcctggga 1380

tcgagggatg cagtacagcc acagcatcat cacgaacctc ctgtaccatg tggtcggctg 1440

gaccgactgg aaccttgccc tgaaccccga aggaggaccc aattgggtgc gtaactttgt 1500

cgacagtccc atcattgtag acatcaccaa ggacacgttt tacaaacagc ccatgttcta 1560

ccaccttggc cacttcagca agttcattcc tgagggctcc cagagagtgg ggctggttgc 1620

cagtcagaag aacgacctgg acgcagtggc actgatgcat cccgatggct ctgctgttgt 1680

ggtcgtgcta aaccgctcct ctaaggatgt gcctcttacc atcaaggatc ctgctgtggg 1740

cttcctggag acaatctcac ctggctactc cattcacacc tacctgtggc gtcgccagtg 1800

atggagcaga tactcaagga ggcactgggc tcagcctggg cattaaaggg acagagtcag 1860

ctcacacgct gtctgtgact aaagagggca cagcagggcc agtgtgagct tacagcgacg 1920

taagcccagg ggcaatggtt tgggtgactc actttcccct ctaggtggtg ccaggggctg 1980

gaggccccta gaaaaagatc agtaagcccc agtgtccccc cagcccccat gcttatgtga 2040

acatgcgctg tgtgctgctt gctttggaaa ctgggcctgg gtccaggcct agggtgagct 2100

cactgtccgt acaaacacaa gatcagggct gagggtaagg aaaagaagag actaggaaag 2160

ctgggcccaa aactggagac tgtttgtctt tcctggagat gcagaactgg gcccgtggag 2220

cagcagtgtc agcatcaggg cggaagcctt aaagcagcag cgggtgtgcc caggcaccca 2280

gatgattcct atggcaccag ccaggaaaaa tggcagctct taaaggagaa aatgtttgag 2340

ccca 2344

<210> 1744

<211> 536

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1744

Met Glu Phe Ser Ser Pro Ser Arg Glu Glu Cys Pro Lys Pro Leu Ser

1 5 10 15

Arg Val Ser Ile Met Ala Gly Ser Leu Thr Gly Leu Leu Leu Leu Gln

20 25 30

Ala Val Ser Trp Ala Ser Gly Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe

35 40 45

Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser

50 55 60

Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu

65 70 75 80

Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln

85 90 95

Ala Asn His Thr Gly Thr Gly Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln

100 105 110

Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala

115 120 125

Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu

130 135 140

Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val

145 150 155 160

Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp

165 170 175

Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp

180 185 190

Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln

195 200 205

Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu

210 215 220

Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro

225 230 235 240

Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu

245 250 255

Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu

260 265 270

Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu

275 280 285

Gly Phe Thr Pro Glu His Gln Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly

290 295 300

Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu

305 310 315 320

Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr

325 330 335

Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr

340 345 350

Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg

355 360 365

Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser

370 375 380

Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met

385 390 395 400

Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly

405 410 415

Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp

420 425 430

Val Arg Asn Phe Val Asp Ser Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp

435 440 445

Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys

450 455 460

Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys

465 470 475 480

Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val

485 490 495

Val Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys

500 505 510

Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile

515 520 525

His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg Gln

530 535

<210> 1745

<211> 2325

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1745

atcctgcctt cagagtctta ctgcgcgggg ccccagtctc cagtcccgcc caggcgcctt 60

tgcaggctgc ggtgggattt cgttttgcct ccggttgggg ctgctgtttc tcttcgccga 120

cgagactctg gaacccctgt ggtcttctct tcatctaatg accctgaggg gatggagttt 180

tcaagtcctt ccagagagga atgtcccaag cctttgagta gggtaagcat catggctggc 240

agcctcacag gattgcttct acttcaggca gtgtcgtggg catcaggtgc ccgcccctgc 300

atccctaaaa gcttcggcta cagctcggtg gtgtgtgtct gcaatgccac atactgtgac 360

tcctttgacc ccccgacctt tcctgccctt ggtaccttca gccgctatga gagtacacgc 420

agtgggcgac ggatggagct gagtatgggg cccatccagg ctaatcacac gggcacaggc 480

ctgctactga ccctgcagcc agaacagaag ttccagaaag tgaagggatt tggaggggcc 540

atgacagatg ctgctgctct caacatcctt gccctgtcac cccctgccca aaatttgcta 600

cttaaatcgt acttctctga agaaggaatc ggatataaca tcatccgggt acccatggcc 660

agctgtgact tctccatccg cacctacacc tatgcagaca cccctgatga tttccagttg 720

cacaacttca gcctcccaga ggaagatacc aagctcaaga taccccctgat tcaccgagcc 780

ctgcagttgg cccagcgtcc cgtttcactc cttgccagcc cctggacatc acccacttgg 840

ctcaagacca atggagcggt gaatgggaag gggtcactca agggacagcc cggagacatc 900

taccaccaga cctgggccag atactttgtg aagttcctgg atgcctatgc tgagcacaag 960

ttacagttct gggcagtgac agctgaaaat gagccttctg ctgggctgtt gagtggatac 1020

cccttccagt gcctgggctt caccccctgaa catcagcgag acttcattgc ccgtgaccta 1080

ggtcctaccc tcgccaacag tactcaccac aatgtccgcc tactcatgct ggatgaccaa 1140

cgcttgctgc tgccccactg ggcaaaggtg gtactgacag acccagaagc agctaaatat 1200

gttcatggca ttgctgtaca ttggtacctg gactttctgg ctccagccaa agccacccta 1260

ggggagacac accgcctgtt ccccaacacc atgctctttg cctcagaggc ctgtgtgggc 1320

tccaagttct gggagcagag tgtgcggcta ggctcctggg atcgagggat gcagtacagc 1380

cacagcatca tcacgaacct cctgtaccat gtggtcggct ggaccgactg gaaccttgcc 1440

ctgaaccccg aaggaggacc caattgggtg cgtaactttg tcgacagtcc catcattgta 1500

gacatcacca aggacacgtt ttacaaacag cccatgttct accaccttgg ccacttcagc 1560

aagttcattc ctgagggctc ccagagagtg gggctggttg ccagtcagaa gaacgacctg 1620

gacgcagtgg cactgatgca tcccgatggc tctgctgttg tggtcgtgct aaaccgctcc 1680

tctaaggatg tgcctcttac catcaaggat cctgctgtgg gcttcctgga gacaatctca 1740

cctggctact ccattcacac ctacctgtgg cgtcgccagt gatggagcag atactcaagg 1800

aggcactggg ctcagcctgg gcattaaagg gacagagtca gctcacacgc tgtctgtgac 1860

taaagagggc acagcagggc cagtgtgagc ttacagcgac gtaagcccag gggcaatggt 1920

ttgggtgact cactttcccc tctaggtggt gccaggggct ggaggcccct agaaaaagat 1980

cagtaagccc cagtgtcccc ccagccccca tgcttatgtg aacatgcgct gtgtgctgct 2040

tgctttggaa actgggcctg ggtccaggcc tagggtgagc tcactgtccg tacaaacaca 2100

agatcagggc tgagggtaag gaaaagaaga gactaggaaa gctgggccca aaactggaga 2160

ctgtttgtct ttcctggaga tgcagaactg ggcccgtgga gcagcagtgt cagcatcagg 2220

gcggaagcct taaagcagca gcgggtgtgc ccaggcaccc agatgattcc tatggcacca 2280

gccaggaaaa atggcagctc ttaaaggaga aaatgtttga gccca 2325

<210> 1746

<211> 449

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1746

Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln Ala Asn His Thr Gly Thr Gly

1 5 10 15

Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly

20 25 30

Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu

35 40 45

Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu

50 55 60

Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe

65 70 75 80

Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu

85 90 95

His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu

100 105 110

Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala

115 120 125

Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn

130 135 140

Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr

145 150 155 160

Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys

165 170 175

Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu

180 185 190

Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu Gly Phe Thr Pro Glu His Gln

195 200 205

Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr

210 215 220

His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu

225 230 235 240

Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr

245 250 255

Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala

260 265 270

Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu

275 280 285

Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val

290 295 300

Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile

305 310 315 320

Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala

325 330 335

Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp Val Arg Asn Phe Val Asp Ser

340 345 350

Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met

355 360 365

Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln

370 375 380

Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala

385 390 395 400

Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val Val Val Val Leu Asn Arg Ser

405 410 415

Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu

420 425 430

Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg

435 440 445

Gln

<210> 1747

<211> 2161

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1747

atcctgcctt cagagtctta ctgcgcgggg ccccagtctc cagtcccgcc caggcgcctt 60

tgcaggctgc ggtgggattt cgttttgcct ccggttgggg ctgctgtttc tcttcgccga 120

cggtgcccgc ccctgcatcc ctaaaagctt cggctacagc tcggtggtgt gtgtctgcaa 180

tgccacatac tgtgactcct ttgacccccc gacctttcct gcccttggta ccttcagccg 240

ctatgagagt acacgcagtg ggcgacggat ggagctgagt atggggccca tccaggctaa 300

tcacacgggc acaggcctgc tactgaccct gcagccagaa cagaagttcc agaaagtgaa 360

gggatttgga ggggccatga cagatgctgc tgctctcaac atccttgccc tgtcaccccc 420

tgcccaaaat ttgctactta aatcgtactt ctctgaagaa ggaatcggat ataacatcat 480

ccgggtaccc atggccagct gtgacttctc catccgcacc tacacctatg cagacacccc 540

tgatgatttc cagttgcaca acttcagcct cccagaggaa gataccaagc tcaagatacc 600

cctgattcac cgagccctgc agttggccca gcgtcccgtt tcactccttg ccagcccctg 660

gacatcaccc acttggctca agaccaatgg agcggtgaat gggaaggggt cactcaaggg 720

acagcccgga gacatctacc accagacctg ggccagatac tttgtgaagt tcctggatgc 780

ctatgctgag cacaagttac agttctgggc agtgacagct gaaaatgagc cttctgctgg 840

gctgttgagt ggataccct tccagtgcct gggcttcacc cctgaacatc agcgagactt 900

cattgcccgt gacctaggtc ctaccctcgc caacagtact caccacaatg tccgcctact 960

catgctggat gaccaacgct tgctgctgcc ccactgggca aaggtggtac tgacagaccc 1020

agaagcagct aaatatgttc atggcattgc tgtacattgg tacctggact ttctggctcc 1080

agccaaagcc accctagggg agacacaccg cctgttcccc aacaccatgc tctttgcctc 1140

agaggcctgt gtgggctcca agttctggga gcagagtgtg cggctaggct cctgggatcg 1200

agggatgcag tacagccaca gcatcatcac gaacctcctg taccatgtgg tcggctggac 1260

cgactggaac cttgccctga accccgaagg aggacccaat tgggtgcgta actttgtcga 1320

cagtcccatc attgtagaca tcaccaagga cacgttttac aaacagccca tgttctacca 1380

ccttggccac ttcagcaagt tcattcctga gggctcccag agagtggggc tggttgccag 1440

tcagaagaac gacctggacg cagtggcact gatgcatccc gatggctctg ctgttgtggt 1500

cgtgctaaac cgctcctcta aggatgtgcc tcttaccatc aaggatcctg ctgtgggctt 1560

cctggagaca atctcacctg gctactccat tcacacctac ctgtggcgtc gccagtgatg 1620

gagcagatac tcaaggaggc actgggctca gcctgggcat taaagggaca gagtcagctc 1680

acacgctgtc tgtgactaaa gagggcacag cagggccagt gtgagcttac agcgacgtaa 1740

gcccaggggc aatggtttgg gtgactcact ttcccctcta ggtggtgcca ggggctggag 1800

gcccctagaa aaagatcagt aagccccagt gtccccccag cccccatgct tatgtgaaca 1860

tgcgctgtgt gctgcttgct ttggaaactg ggcctgggtc caggcctagg gtgagctcac 1920

tgtccgtaca aacacaagat cagggctgag ggtaaggaaa agaagagact aggaaagctg 1980

ggcccaaaac tggagactgt ttgtctttcc tggagatgca gaactgggcc cgtggagcag 2040

cagtgtcagc atcagggcgg aagccttaaa gcagcagcgg gtgtgcccag gcacccagat 2100

gattcctatg gcaccagcca ggaaaaatgg cagctcttaa aggagaaaat gtttgagccc 2160

a 2161

<210> 1748

<211> 487

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1748

Met Glu Phe Ser Ser Pro Ser Arg Glu Glu Cys Pro Lys Pro Leu Ser
1 5 10 15

Arg Val Ser Ile Met Ala Gly Ser Leu Thr Gly Leu Leu Leu Leu Gln
20 25 30

Ala Val Ser Trp Ala Ser Gly Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe
35 40 45

Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser
50 55 60

Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu
65 70 75 80

Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln
85 90 95

Ala Asn His Thr Gly Thr Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val Pro
100 105 110

Met Ala Ser Cys Asp Phe Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp Thr
115 120 125

Pro Asp Asp Phe Gln Leu His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp Thr
130 135 140

Lys Leu Lys Ile Pro Leu Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln Arg
145 150 155 160

Pro Val Ser Leu Leu Ala Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu Lys
165 170 175

Thr Asn Gly Ala Val Asn Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro Gly
180 185 190

Asp Ile Tyr His Gln Thr Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu Asp
195 200 205

Ala Tyr Ala Glu His Lys Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu Asn

210 215 220

Glu Pro Ser Ala Gly Leu Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu Gly

225 230 235 240

Phe Thr Pro Glu His Gln Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly Pro

245 250 255

Thr Leu Ala Asn Ser Thr His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu Asp

260 265 270

Asp Gln Arg Leu Leu Leu Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr Asp

275 280 285

Pro Glu Ala Ala Lys Tyr Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr Leu

290 295 300

Asp Phe Leu Ala Pro Ala Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg Leu

305 310 315 320

Phe Pro Asn Thr Met Leu Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser Lys

325 330 335

Phe Trp Glu Gln Ser Val Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met Gln

340 345 350

Tyr Ser His Ser Ile Ile Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly Trp

355 360 365

Thr Asp Trp Asn Leu Ala Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp Val

370 375 380

Arg Asn Phe Val Asp Ser Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp Thr

385 390 395 400

Phe Tyr Lys Gln Pro Met Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys Phe

405 410 415

Ile Pro Glu Gly Ser Gln Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys Asn

420 425 430

Asp Leu Asp Ala Val Ala Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val Val

435 440 445

Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys Asp

450 455 460

Pro Ala Val Gly Phe Leu Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile His

465 470 475 480

Thr Tyr Leu Trp Arg Arg Gln

485

<210> 1749

<211> 2144

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1749

ggaattactt gcagggctaa cctagtgcct atagctaagg caggtacctg catccttgtt 60

tttgtttagt ggatcctcta tccttcagag actctggaac ccctgtggtc ttctcttcat 120

ctaatgaccc tgaggggatg gagttttcaa gtccttccag agaggaatgt cccaagcctt 180

tgagtagggt aagcatcatg gctggcagcc tcacaggatt gcttctactt caggcagtgt 240

cgtgggcatc aggtgcccgc ccctgcatcc ctaaaagctt cggctacagc tcggtggtgt 300

gtgtctgcaa tgccacatac tgtgactcct ttgacccccc gacctttcct gcccttggta 360

ccttcagccg ctatgagagt acacgcagtg ggcgacggat ggagctgagt atggggccca 420

tccaggctaa tcacacgggc acaggaatcg gatataacat catccgggta cccatggcca 480

gctgtgactt ctccatccgc acctacacct atgcagacac ccctgatgat ttccagttgc 540

acaacttcag cctcccagag gaagatacca agctcaagat acccctgatt caccgagccc 600

tgcagttggc ccagcgtccc gtttcactcc ttgccagccc ctggacatca cccacttggc 660

tcaagaccaa tggagcggtg aatgggaagg ggtcactcaa gggacagccc ggagacatct 720

accaccagac ctgggccaga tactttgtga agttcctgga tgcctatgct gagcacaagt 780

tacagttctg ggcagtgaca gctgaaaatg agccttctgc tgggctgttg agtggatacc 840

ccttccagtg cctgggcttc acccctgaac atcagcgaga cttcattgcc cgtgacctag 900

gtcctaccct cgccaacagt actcaccaca atgtccgcct actcatgctg gatgaccaac 960

gcttgctgct gccccactgg gcaaaggtgg tactgacaga cccagaagca gctaaatatg 1020

ttcatggcat tgctgtacat tggtacctgg actttctggc tccagccaaa gccaccctag 1080

gggagacaca ccgcctgttc cccaacacca tgctctttgc ctcagaggcc tgtgtgggct 1140

ccaagttctg ggagcagagt gtgcggctag gctcctggga tcgagggatg cagtacagcc 1200

acagcatcat cacgaacctc ctgtaccatg tggtcggctg gaccgactgg aaccttgccc 1260

tgaaccccga aggaggaccc aattgggtgc gtaactttgt cgacagtccc atcattgtag 1320

acatcaccaa ggacacgttt tacaaacagc ccatgttcta ccaccttggc cacttcagca 1380

agttcattcc tgagggctcc cagagagtgg ggctggttgc cagtcagaag aacgacctgg 1440

acgcagtggc actgatgcat cccgatggct ctgctgttgt ggtcgtgcta aaccgctcct 1500

ctaaggatgt gcctcttacc atcaaggatc ctgctgtggg cttcctggag acaatctcac 1560

ctggctactc cattcacacc tacctgtggc gtcgccagtg atggagcaga tactcaagga 1620

ggcactgggc tcagcctggg cattaaaggg acagagtcag ctcacacgct gtctgtgact 1680

aaagagggca cagcagggcc agtgtgagct tacagcgacg taagcccagg ggcaatggtt 1740

tgggtgactc actttcccct ctaggtggtg ccaggggctg gaggccccta gaaaaagatc 1800

agtaagcccc agtgtccccc cagcccccat gcttatgtga acatgcgctg tgtgctgctt 1860

gctttggaaa ctgggcctgg gtccaggcct agggtgagct cactgtccgt acaaacacaa 1920

gatcagggct gagggtaagg aaaagaagag actaggaaag ctgggcccaa aactggagac 1980

tgtttgtctt tcctggagat gcagaactgg gcccgtggag cagcagtgtc agcatcaggg 2040

cggaagcctt aaagcagcag cgggtgtgcc caggcaccca gatgattcct atggcaccag 2100

ccaggaaaaa tggcagctct taaaggagaa aatgtttgag ccca 2144

<210> 1750

<211> 524

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1750

Met Tyr Ala Leu Phe Leu Leu Ala Ser Leu Leu Gly Ala Ala Leu Ala

1 5 10 15

Gly Pro Val Leu Gly Leu Lys Glu Cys Thr Arg Gly Ser Ala Val Trp

20 25 30

Cys Gln Asn Val Lys Thr Ala Ser Asp Cys Gly Ala Val Lys His Cys

35 40 45

Leu Gln Thr Val Trp Asn Lys Pro Thr Val Lys Ser Leu Pro Cys Asp

50 55 60

Ile Cys Lys Asp Val Val Thr Ala Ala Gly Asp Met Leu Lys Asp Asn

65 70 75 80

Ala Thr Glu Glu Glu Ile Leu Val Tyr Leu Glu Lys Thr Cys Asp Trp

85 90 95

Leu Pro Lys Pro Asn Met Ser Ala Ser Cys Lys Glu Ile Val Asp Ser
100 105 110
Tyr Leu Pro Val Ile Leu Asp Ile Ile Lys Gly Glu Met Ser Arg Pro
115 120 125
Gly Glu Val Cys Ser Ala Leu Asn Leu Cys Glu Ser Leu Gln Lys His
130 135 140
Leu Ala Glu Leu Asn His Gln Lys Gln Leu Glu Ser Asn Lys Ile Pro
145 150 155 160

Glu Leu Asp Met Thr Glu Val Val Ala Pro Phe Met Ala Asn Ile Pro
165 170 175
Leu Leu Leu Tyr Pro Gln Asp Gly Pro Arg Ser Lys Pro Gln Pro Lys
180 185 190
Asp Asn Gly Asp Val Cys Gln Asp Cys Ile Gln Met Val Thr Asp Ile
195 200 205
Gln Thr Ala Val Arg Thr Asn Ser Thr Phe Val Gln Ala Leu Val Glu
210 215 220

His Val Lys Glu Glu Cys Asp Arg Leu Gly Pro Gly Met Ala Asp Ile
225 230 235 240
Cys Lys Asn Tyr Ile Ser Gln Tyr Ser Glu Ile Ala Ile Gln Met Met
245 250 255
Met His Met Gln Pro Lys Glu Ile Cys Ala Leu Val Gly Phe Cys Asp
260 265 270
Glu Val Lys Glu Met Pro Met Gln Thr Leu Val Pro Ala Lys Val Ala
275 280 285

Ser Lys Asn Val Ile Pro Ala Leu Glu Leu Val Glu Pro Ile Lys Lys
290 295 300
His Glu Val Pro Ala Lys Ser Asp Val Tyr Cys Glu Val Cys Glu Phe
305 310 315 320
Leu Val Lys Glu Val Thr Lys Leu Ile Asp Asn Asn Lys Thr Glu Lys
325 330 335

Glu Ile Leu Asp Ala Phe Asp Lys Met Cys Ser Lys Leu Pro Lys Ser
340 345 350

Leu Ser Glu Glu Cys Gln Glu Val Val Asp Thr Tyr Gly Ser Ser Ile
355 360 365
Leu Ser Ile Leu Leu Glu Glu Val Ser Pro Glu Leu Val Cys Ser Met
370 375 380
Leu His Leu Cys Ser Gly Thr Arg Leu Pro Ala Leu Thr Val His Val
385 390 395 400
Thr Gln Pro Lys Asp Gly Gly Phe Cys Glu Val Cys Lys Lys Leu Val
405 410 415

Gly Tyr Leu Asp Arg Asn Leu Glu Lys Asn Ser Thr Lys Gln Glu Ile
420 425 430
Leu Ala Ala Leu Glu Lys Gly Cys Ser Phe Leu Pro Asp Pro Tyr Gln
435 440 445
Lys Gln Cys Asp Gln Phe Val Ala Glu Tyr Glu Pro Val Leu Ile Glu
450 455 460
Ile Leu Val Glu Val Met Asp Pro Ser Phe Val Cys Leu Lys Ile Gly
465 470 475 480

Ala Cys Pro Ser Ala His Lys Pro Leu Leu Gly Thr Glu Lys Cys Ile
485 490 495
Trp Gly Pro Ser Tyr Trp Cys Gln Asn Thr Glu Thr Ala Ala Gln Cys
500 505 510
Asn Ala Val Glu His Cys Lys Arg His Val Trp Asn
515 520

<210> 1751
<211> 2748
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 1751
gcattgcaga ctgcggagtc agacggcgct atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc 60

ctgggcgcgg ctctagccgg cccggtcctt ggactgaaag aatgcaccag gggctcggca 120

gtgtggtgcc agaatgtgaa gacggcgtcc gactgcgggg cagtgaagca ctgcctgcag 180

accgtttgga acaagccaac agtgaaatcc cttccctgcg acatatgcaa agacgttgtc 240

accgcagctg gtgatatgct gaaggacaat gccactgagg aggagatcct tgtttacttg 300

gagaagacct gtgactggct tccgaaaccg aacatgtctg cttcatgcaa ggagatagtg 360

gactcctacc tccctgtcat cctggacatc attaaaggag aaatgagccg tcctggggag 420

gtgtgctctg ctctcaacct ctgcgagtct ctccagaagc acctagcaga gctgaatcac 480

cagaagcagc tggagtccaa taagatccca gagctggaca tgactgaggt ggtggccccc 540

ttcatggcca acatccctct cctcctctac cctcaggacg gcccccgcag caagccccag 600

ccaaaggata atggggacgt ttgccaggac tgcattcaga tggtgactga catccagact 660

gctgtacgga ccaactccac ctttgtccag gccttggtgg aacatgtcaa ggaggagtgt 720

gaccgcctgg gccctggcat ggccgacata tgcaagaact atatcagcca gtattctgaa 780

attgctatcc agatgatgat gcacatgcaa cccaaggaga tctgtgcgct ggttgggttc 840

tgtgatgagg tgaaagagat gcccatgcag actctggtcc ccgccaaagt ggcctccaag 900

aatgtcatcc ctgccctgga actggtggag cccattaaga agcacgaggt cccagcaaag 960

tctgatgttt actgtgaggt gtgtgaattc ctggtgaagg aggtgaccaa gctgattgac 1020

aacaacaaga ctgagaaaga aatactcgac gcttttgaca aaatgtgctc gaagctgccg 1080

aagtccctgt cggaagagtg ccaggaggtg gtggacacgt acggcagctc catcctgtcc 1140

atcctgctgg aggaggtcag ccctgagctg gtgtgcagca tgctgcacct ctgctctggc 1200

acgcggctgc ctgcactgac cgttcacgtg actcagccaa aggacggtgg cttctgcgaa 1260

gtgtgcaaga agctggtggg ttatttggat cgcaacctgg agaaaaacag caccaagcag 1320

gagatcctgg ctgctcttga gaaaggctgc agcttcctgc cagaccctta ccagaagcag 1380

tgtgatcagt ttgtggcaga gtacgagccc gtgctgatcg agatcctggt ggaggtgatg 1440

gatccttcct tcgtgtgctt gaaaattgga gcctgcccct cggcccataa gcccttgttg 1500

ggaactgaga agtgtatatg gggcccaagc tactggtgcc agaacacaga gacagcagcc 1560

cagtgcaatg ctgtcgagca ttgcaaacgc catgtgtgga actaggagga ggaatattcc 1620

atcttggcag aaaccacagc attggttttt ttctacttgt gtgtctgggg gaatgaacgc 1680

acagatctgt ttgactttgt tataaaaata gggctccccc acctccccca tttctgtgtc 1740

ctttattgta gcattgctgt ctgcaaggga gcccctagcc cctggcagac atagctgctt 1800

cagtgcccct tttctctctg ctagatggat gttgatgcac tggaggtctt ttagcctgcc 1860

cttgcatggc gcctgctgga ggaggagaga gctctgctgg catgagccac agtttcttga 1920

ctggaggcca tcaaccctct tggttgaggc cttgttctga gccctgacat gtgcttgggc 1980

actggtgggc ctgggcttct gaggtggcct cctgccctga tcagggaccc tccccgcttt 2040

cctgggcctc tcagttgaac aaagcagcaa aacaaaggca gttttatatg aaagattaga 2100

agcctggaat aatcaggctt tttaaatgat gtaattccca ctgtaatagc atagggattt 2160

tggaagcagc tgctggtggc ttgggacatc agtggggcca agggttctct gtccctggtt 2220

caactgtgat ttggctttcc cgtgtctttc ctggtgatgc cttgtttggg gttctgtggg 2280

tttgggtggg aagagggcca tctgcctgaa tgtaacctgc tagctctccg aaggccctgc 2340

gggcctggct tgtgtgagcg tgtggacagt ggtggccgcg ctgtgcctgc tcgtgttgcc 2400

tacatgtccc tggctgttga ggcgctgctt cagcctgcac ccctcccttg tctcatagat 2460

gctccttttg acctttttcaa ataaatatgg atggcgagct cctaggcctc tggcttcctg 2520

gtagagggcg gcatgccgaa gggtctgctg ggtgtggatt ggatgctggg gtgtgggggt 2580

tggaagctgt ctgtggccca cttgggcacc cacgcttctg tccacttctg gttgccagga 2640

gacagcaagc aaagccagca ggacatgaag ttgctattaa atggacttcg tgatttttgt 2700

tttgcactaa agtttctgtg atttaacaat aaaattctgt tagccaga 2748

<210> 1752

<211> 527

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1752

Met Tyr Ala Leu Phe Leu Leu Ala Ser Leu Leu Gly Ala Ala Leu Ala
1 5 10 15

Gly Pro Val Leu Gly Leu Lys Glu Cys Thr Arg Gly Ser Ala Val Trp
20 25 30

Cys Gln Asn Val Lys Thr Ala Ser Asp Cys Gly Ala Val Lys His Cys
35 40 45

Leu Gln Thr Val Trp Asn Lys Pro Thr Val Lys Ser Leu Pro Cys Asp
50 55 60

Ile Cys Lys Asp Val Val Thr Ala Ala Gly Asp Met Leu Lys Asp Asn
65 70 75 80

Ala Thr Glu Glu Glu Ile Leu Val Tyr Leu Glu Lys Thr Cys Asp Trp
85 90 95

Leu Pro Lys Pro Asn Met Ser Ala Ser Cys Lys Glu Ile Val Asp Ser

100 105 110

Tyr Leu Pro Val Ile Leu Asp Ile Ile Lys Gly Glu Met Ser Arg Pro

115 120 125

Gly Glu Val Cys Ser Ala Leu Asn Leu Cys Glu Ser Leu Gln Lys His

130 135 140

Leu Ala Glu Leu Asn His Gln Lys Gln Leu Glu Ser Asn Lys Ile Pro

145 150 155 160

Glu Leu Asp Met Thr Glu Val Val Ala Pro Phe Met Ala Asn Ile Pro

165 170 175

Leu Leu Leu Tyr Pro Gln Asp Gly Pro Arg Ser Lys Pro Gln Pro Lys

180 185 190

Asp Asn Gly Asp Val Cys Gln Asp Cys Ile Gln Met Val Thr Asp Ile

195 200 205

Gln Thr Ala Val Arg Thr Asn Ser Thr Phe Val Gln Ala Leu Val Glu

210 215 220

His Val Lys Glu Glu Cys Asp Arg Leu Gly Pro Gly Met Ala Asp Ile

225 230 235 240

Cys Lys Asn Tyr Ile Ser Gln Tyr Ser Glu Ile Ala Ile Gln Met Met

245 250 255

Met His Met Gln Asp Gln Gln Pro Lys Glu Ile Cys Ala Leu Val Gly

260 265 270

Phe Cys Asp Glu Val Lys Glu Met Pro Met Gln Thr Leu Val Pro Ala

275 280 285

Lys Val Ala Ser Lys Asn Val Ile Pro Ala Leu Glu Leu Val Glu Pro

290 295 300

Ile Lys Lys His Glu Val Pro Ala Lys Ser Asp Val Tyr Cys Glu Val

305 310 315 320

Cys Glu Phe Leu Val Lys Glu Val Thr Lys Leu Ile Asp Asn Asn Lys

325 330 335

Thr Glu Lys Glu Ile Leu Asp Ala Phe Asp Lys Met Cys Ser Lys Leu

340 345 350

Pro Lys Ser Leu Ser Glu Glu Cys Gln Glu Val Val Asp Thr Tyr Gly
355 360 365

Ser Ser Ile Leu Ser Ile Leu Leu Glu Glu Val Ser Pro Glu Leu Val
370 375 380

Cys Ser Met Leu His Leu Cys Ser Gly Thr Arg Leu Pro Ala Leu Thr
385 390 395 400

Val His Val Thr Gln Pro Lys Asp Gly Gly Phe Cys Glu Val Cys Lys
405 410 415

Lys Leu Val Gly Tyr Leu Asp Arg Asn Leu Glu Lys Asn Ser Thr Lys
420 425 430

Gln Glu Ile Leu Ala Ala Leu Glu Lys Gly Cys Ser Phe Leu Pro Asp
435 440 445

Pro Tyr Gln Lys Gln Cys Asp Gln Phe Val Ala Glu Tyr Glu Pro Val
450 455 460

Leu Ile Glu Ile Leu Val Glu Val Met Asp Pro Ser Phe Val Cys Leu
465 470 475 480

Lys Ile Gly Ala Cys Pro Ser Ala His Lys Pro Leu Leu Gly Thr Glu
485 490 495

Lys Cys Ile Trp Gly Pro Ser Tyr Trp Cys Gln Asn Thr Glu Thr Ala
500 505 510

Ala Gln Cys Asn Ala Val Glu His Cys Lys Arg His Val Trp Asn
515 520 525

<210> 1753

<211> 2757

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1753

gcattgcaga ctgcggagtc agacggcgct atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc 60

ctgggcgcgg ctctagccgg cccggtcctt ggactgaaag aatgcaccag gggctcggca 120

gtgtggtgcc agaatgtgaa gacggcgtcc gactgcgggg cagtgaagca ctgcctgcag 180

accgtttgga acaagccaac agtgaaatcc cttccctgcg acatatgcaa agacgttgtc 240

accgcagctg gtgatatgct gaaggacaat gccactgagg aggagatcct tgtttacttg 300

gagaagacct gtgactggct tccgaaaccg aacatgtctg cttcatgcaa ggagatagtg 360

gactcctacc tccctgtcat cctggacatc attaaaggag aaatgagccg tcctggggag 420

gtgtgctctg ctctcaacct ctgcgagtct ctccagaagc acctagcaga gctgaatcac 480

cagaagcagc tggagtccaa taagatccca gagctggaca tgactgaggt ggtggccccc 540

ttcatggcca acatccctct cctcctctac cctcaggacg gcccccgcag caagccccag 600

ccaaaggata atggggacgt ttgccaggac tgcattcaga tggtgactga catccagact 660

gctgtacgga ccaactccac ctttgtccag gccttggtgg aacatgtcaa ggaggagtgt 720

gaccgcctgg gccctggcat ggccgacata tgcaagaact atatcagcca gtattctgaa 780

attgctatcc agatgatgat gcacatgcag gatcagcaac ccaaggagat ctgtgcgctg 840

gttgggttct gtgatgaggt gaaagagatg cccatgcaga ctctggtccc cgccaaagtg 900

gcctccaaga atgtcatccc tgccctggaa ctggtggagc ccattaagaa gcacgaggtc 960

ccagcaaagt ctgatgttta ctgtgaggtg tgtgaattcc tggtgaagga ggtgaccaag 1020

ctgattgaca acaacaagac tgagaaagaa atactcgacg cttttgacaa aatgtgctcg 1080

aagctgccga agtccctgtc ggaagagtgc caggaggtgg tggacacgta cggcagctcc 1140

atcctgtcca tcctgctgga ggaggtcagc cctgagctgg tgtgcagcat gctgcacctc 1200

tgctctggca cgcggctgcc tgcactgacc gttcacgtga ctcagccaaa ggacggtggc 1260

ttctgcgaag tgtgcaagaa gctggtgggt tatttggatc gcaacctgga gaaaaacagc 1320

accaagcagg agatcctggc tgctcttgag aaaggctgca gcttcctgcc agacccttac 1380

cagaagcagt gtgatcagtt tgtggcagag tacgagcccg tgctgatcga gatcctggtg 1440

gaggtgatgg atccttcctt cgtgtgcttg aaaattggag cctgcccctc ggcccataag 1500

cccttgttgg gaactgagaa gtgtatatgg ggcccaagct actggtgcca gaacacagag 1560

acagcagccc agtgcaatgc tgtcgagcat tgcaaacgcc atgtgtggaa ctaggaggag 1620

gaatattcca tcttggcaga aaccacagca ttggtttttt tctacttgtg tgtctggggg 1680

aatgaacgca cagatctgtt tgactttgtt ataaaaatag ggctccccca cctcccccat 1740

ttctgtgtcc tttattgtag cattgctgtc tgcaagggag cccctagccc ctggcagaca 1800

tagctgcttc agtgcccctt ttctctctgc tagatggatg ttgatgcact ggaggtcttt 1860

tagcctgccc ttgcatggcg cctgctggag gaggagagag ctctgctggc atgagccaca 1920

gtttcttgac tggaggccat caaccctctt ggttgaggcc ttgttctgag ccctgacatg 1980

tgcttgggca ctggtgggcc tgggcttctg aggtggcctc ctgccctgat cagggaccct 2040

ccccgctttc ctgggcctct cagttgaaca aagcagcaaa acaaaggcag ttttatatga 2100

aagattagaa gcctggaata atcaggcttt ttaaatgatg taattcccac tgtaatagca 2160

tagggatttt ggaagcagct gctggtggct tgggacatca gtggggccaa gggttctctg 2220

tccctggttc aactgtgatt tggctttccc gtgtctttcc tggtgatgcc ttgtttgggg 2280

ttctgtgggt ttgggtggga agagggccat ctgcctgaat gtaacctgct agctctccga 2340

aggccctgcg ggcctggctt gtgtgagcgt gtggacagtg gtggccgcgc tgtgcctgct 2400

cgtgttgcct acatgtccct ggctgttgag gcgctgcttc agcctgcacc cctcccttgt 2460

ctcatagatg ctccttttga ccttttcaaa taaatatgga tggcgagctc ctaggcctct 2520

ggcttcctgg tagagggcgg catgccgaag ggtctgctgg gtgtggattg gatgctgggg 2580

tgtgggggtt ggaagctgtc tgtggcccac ttgggcaccc acgcttctgt ccacttctgg 2640

ttgccaggag acagcaagca aagccagcag gacatgaagt tgctattaaa tggacttcgt 2700

gatttttgtt ttgcactaaa gtttctgtga tttaacaata aaattctgtt agccaga 2757

<210> 1754

<211> 526

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1754

Met Tyr Ala Leu Phe Leu Leu Ala Ser Leu Leu Gly Ala Ala Leu Ala
1 5 10 15

Gly Pro Val Leu Gly Leu Lys Glu Cys Thr Arg Gly Ser Ala Val Trp
20 25 30

Cys Gln Asn Val Lys Thr Ala Ser Asp Cys Gly Ala Val Lys His Cys
35 40 45

Leu Gln Thr Val Trp Asn Lys Pro Thr Val Lys Ser Leu Pro Cys Asp
50 55 60

Ile Cys Lys Asp Val Val Thr Ala Ala Gly Asp Met Leu Lys Asp Asn
65 70 75 80

Ala Thr Glu Glu Glu Ile Leu Val Tyr Leu Glu Lys Thr Cys Asp Trp
85 90 95

Leu Pro Lys Pro Asn Met Ser Ala Ser Cys Lys Glu Ile Val Asp Ser
100 105 110

Tyr Leu Pro Val Ile Leu Asp Ile Ile Lys Gly Glu Met Ser Arg Pro

115 120 125

Gly Glu Val Cys Ser Ala Leu Asn Leu Cys Glu Ser Leu Gln Lys His

130 135 140

Leu Ala Glu Leu Asn His Gln Lys Gln Leu Glu Ser Asn Lys Ile Pro

145 150 155 160

Glu Leu Asp Met Thr Glu Val Val Ala Pro Phe Met Ala Asn Ile Pro

165 170 175

Leu Leu Leu Tyr Pro Gln Asp Gly Pro Arg Ser Lys Pro Gln Pro Lys

180 185 190

Asp Asn Gly Asp Val Cys Gln Asp Cys Ile Gln Met Val Thr Asp Ile

195 200 205

Gln Thr Ala Val Arg Thr Asn Ser Thr Phe Val Gln Ala Leu Val Glu

210 215 220

His Val Lys Glu Glu Cys Asp Arg Leu Gly Pro Gly Met Ala Asp Ile

225 230 235 240

Cys Lys Asn Tyr Ile Ser Gln Tyr Ser Glu Ile Ala Ile Gln Met Met

245 250 255

Met His Met Asp Gln Gln Pro Lys Glu Ile Cys Ala Leu Val Gly Phe

260 265 270

Cys Asp Glu Val Lys Glu Met Pro Met Gln Thr Leu Val Pro Ala Lys

275 280 285

Val Ala Ser Lys Asn Val Ile Pro Ala Leu Glu Leu Val Glu Pro Ile

290 295 300

Lys Lys His Glu Val Pro Ala Lys Ser Asp Val Tyr Cys Glu Val Cys

305 310 315 320

Glu Phe Leu Val Lys Glu Val Thr Lys Leu Ile Asp Asn Asn Lys Thr

325 330 335

Glu Lys Glu Ile Leu Asp Ala Phe Asp Lys Met Cys Ser Lys Leu Pro

340 345 350

Lys Ser Leu Ser Glu Glu Cys Gln Glu Val Val Asp Thr Tyr Gly Ser

355 360 365

Ser Ile Leu Ser Ile Leu Leu Glu Glu Val Ser Pro Glu Leu Val Cys
370 375 380
Ser Met Leu His Leu Cys Ser Gly Thr Arg Leu Pro Ala Leu Thr Val
385 390 395 400
His Val Thr Gln Pro Lys Asp Gly Gly Phe Cys Glu Val Cys Lys Lys
405 410 415

Leu Val Gly Tyr Leu Asp Arg Asn Leu Glu Lys Asn Ser Thr Lys Gln
420 425 430
Glu Ile Leu Ala Ala Leu Glu Lys Gly Cys Ser Phe Leu Pro Asp Pro
435 440 445
Tyr Gln Lys Gln Cys Asp Gln Phe Val Ala Glu Tyr Glu Pro Val Leu
450 455 460
Ile Glu Ile Leu Val Glu Val Met Asp Pro Ser Phe Val Cys Leu Lys
465 470 475 480

Ile Gly Ala Cys Pro Ser Ala His Lys Pro Leu Leu Gly Thr Glu Lys
485 490 495
Cys Ile Trp Gly Pro Ser Tyr Trp Cys Gln Asn Thr Glu Thr Ala Ala
500 505 510
Gln Cys Asn Ala Val Glu His Cys Lys Arg His Val Trp Asn
515 520 525

<210> 1755
<211> 2754
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 1755
gcattgcaga ctgcggagtc agacggcgct atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc 60

ctgggcgcgg ctctagccgg cccggtcctt ggactgaaag aatgcaccag gggctcggca 120
gtgtggtgcc agaatgtgaa gacggcgtcc gactgcgggg cagtgaagca ctgcctgcag 180
accgtttgga acaagccaac agtgaaatcc cttccctgcg acatatgcaa agacgttgtc 240
accgcagctg gtgatatgct gaaggacaat gccactgagg aggagatcct tgtttacttg 300
gagaagacct gtgactggct tccgaaaccg aacatgtctg cttcatgcaa ggagatagtg 360
gactcctacc tccctgtcat cctggacatc attaaaggag aaatgagccg tcctggggag 420

gtgtgctctg ctctcaacct ctgcgagtct ctccagaagc acctagcaga gctgaatcac 480

cagaagcagc tggagtccaa taagatccca gagctggaca tgactgaggt ggtggccccc 540

ttcatggcca acatccctct cctcctctac cctcaggacg gcccccgcag caagccccag 600

ccaaaggata atggggacgt ttgccaggac tgcattcaga tggtgactga catccagact 660

gctgtacgga ccaactccac ctttgtccag gccttggtgg aacatgtcaa ggaggagtgt 720

gaccgcctgg gccctggcat ggccgacata tgcaagaact atatcagcca gtattctgaa 780

attgctatcc agatgatgat gcacatggat cagcaaccca aggagatctg tgcgctggtt 840

gggttctgtg atgaggtgaa agagatgccc atgcagactc tggtccccgc caaagtggcc 900

tccaagaatg tcatccctgc cctggaactg gtggagccca ttaagaagca cgaggtccca 960

gcaaagtctg atgtttactg tgaggtgtgt gaattcctgg tgaaggaggt gaccaagctg 1020

attgacaaca acaagactga gaaagaaata ctcgacgctt ttgacaaaat gtgctcgaag 1080

ctgccgaagt ccctgtcgga agagtgccag gaggtggtgg acacgtacgg cagctccatc 1140

ctgtccatcc tgctggagga ggtcagccct gagctggtgt gcagcatgct gcacctctgc 1200

tctggcacgc ggctgcctgc actgaccgtt cacgtgactc agccaaagga cggtggcttc 1260

tgcgaagtgt gcaagaagct ggtgggttat ttggatcgca acctggagaa aaacagcacc 1320

aagcaggaga tcctggctgc tcttgagaaa ggctgcagct tcctgccaga cccttaccag 1380

aagcagtgtg atcagtttgt ggcagagtac gagcccgtgc tgatcgagat cctggtggag 1440

gtgatggatc cttccttcgt gtgcttgaaa attggagcct gcccctcggc ccataagccc 1500

ttgttgggaa ctgagaagtg tatatggggc ccaagctact ggtgccagaa cacagagaca 1560

gcagcccagt gcaatgctgt cgagcattgc aaacgccatg tgtggaacta ggaggaggaa 1620

tattccatct tggcagaaac cacagcattg gttttttttct acttgtgtgt ctgggggaat 1680

gaacgcacag atctgtttga ctttgttata aaaatagggc tcccccacct cccccatttc 1740

tgtgtccttt attgtagcat tgctgtctgc aagggagccc ctagcccctg gcagacatag 1800

ctgcttcagt gcccctttтc tctctgctag atggatgttg atgcactgga ggtcttttag 1860

cctgcccttg catggcgcct gctggaggag gagagagctc tgctggcatg agccacagtt 1920

tcttgactgg aggccatcaa ccctcttggt tgaggccttg ttctgagccc tgacatgtgc 1980

ttgggcactg gtgggcctgg gcttctgagg tggcctcctg ccctgatcag ggaccctccc 2040

cgctttcctg ggcctctcag ttgaacaaag cagcaaaaca aaggcagttt tatatgaaag 2100

attagaagcc tggaataatc aggcttttta aatgatgtaa ttcccactgt aatagcatag 2160

ggattttgga agcagctgct ggtggcttgg gacatcagtg gggccaaggg ttctctgtcc 2220

ctggttcaac tgtgatttgg ctttcccgtg tctttcctgg tgatgccttg tttggggttc 2280

tgtgggtttg ggtgggaaga gggccatctg cctgaatgta acctgctagc tctccgaagg 2340

ccctgcgggc ctggcttgtg tgagcgtgtg gacagtggtg gccgcgctgt gcctgctcgt 2400

gttgcctaca tgtccctggc tgttgaggcg ctgcttcagc ctgcacccct cccttgtctc 2460

atagatgctc cttttgacct tttcaaataa atatggatgg cgagctccta ggcctctggc 2520

ttcctggtag agggcggcat gccgaagggt ctgctgggtg tggattggat gctggggtgt 2580

gggggttgga agctgtctgt ggcccacttg ggcacccacg cttctgtcca cttctggttg 2640

ccaggagaca gcaagcaaag ccagcaggac atgaagttgc tattaaatgg acttcgtgat 2700

ttttgttttg cactaaagtt tctgtgattt aacaataaaa ttctgttagc caga 2754

<210> 1756

<211> 81

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1756

Ser Leu Pro Cys Asp Ile Cys Lys Asp Val Val Thr Ala Ala Gly Asp
1 5 10 15

Met Leu Lys Asp Asn Ala Thr Glu Glu Glu Ile Leu Val Tyr Leu Glu
20 25 30

Lys Thr Cys Asp Trp Leu Pro Lys Pro Asn Met Ser Ala Ser Cys Lys
35 40 45

Glu Ile Val Asp Ser Tyr Leu Pro Val Ile Leu Asp Ile Ile Lys Gly
50 55 60

Glu Met Ser Arg Pro Gly Glu Val Cys Ser Ala Leu Asn Leu Cys Glu
65 70 75 80

Ser

<210> 1757

<211> 81

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1757

Gly Asp Val Cys Gln Asp Cys Ile Gln Met Val Thr Asp Ile Gln Thr

1 5 10 15

Ala Val Arg Thr Asn Ser Thr Phe Val Gln Ala Leu Val Glu His Val

20 25 30

Lys Glu Glu Cys Asp Arg Leu Gly Pro Gly Met Ala Asp Ile Cys Lys

35 40 45

Asn Tyr Ile Ser Gln Tyr Ser Glu Ile Ala Ile Gln Met Met Met His

50 55 60

Met Gln Pro Lys Glu Ile Cys Ala Leu Val Gly Phe Cys Asp Glu Val

65 70 75 80

Lys

<210> 1758

<211> 80

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1758

Ser Asp Val Tyr Cys Glu Val Cys Glu Phe Leu Val Lys Glu Val Thr

1 5 10 15

Lys Leu Ile Asp Asn Asn Lys Thr Glu Lys Glu Ile Leu Asp Ala Phe

20 25 30

Asp Lys Met Cys Ser Lys Leu Pro Lys Ser Leu Ser Glu Glu Cys Gln

35 40 45

Glu Val Val Asp Thr Tyr Gly Ser Ser Ile Leu Ser Ile Leu Leu Glu

50 55 60

Glu Val Ser Pro Glu Leu Val Cys Ser Met Leu His Leu Cys Ser Gly

65 70 75 80

<210> 1759

<211> 3413

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1759

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980

acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100

cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160

gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280

agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340

ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400

accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460

aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520

atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580

acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640

ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700

accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760

gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820

agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880

gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940

atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000

aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060

tgtggcgtag acagtagtaa ctcgaggacg gggtgaacta cgcctgagga tccgatcttt 3120

ttccctctgc caaaaattat ggggacatca tgaagcccct tgagcatctg acttctggct 3180

aataaaggaa atttattttc attgcaatag tgtgttggaa ttttttgtgt ctctcactcg 3240

gcctaggtag ataagtagca tggcgggtta atcattaact acaaggaacc cctagtgatg 3300

gagttggcca ctccctctct gcgcgctcgc tcgctcactg aggccgggcg accaaaggtc 3360

gcccgacgcc cgggctttgc ccgggcggcc tcagtgagcg agcgagcgcg cag 3413

<210> 1760

<211> 3428

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1760

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980

acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100

cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160

gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280

agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340

ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400

accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460

aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520

atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580

acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640

ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700

accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760

gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820

agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880

gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940

atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000

aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060

tgtggcgtag acagaagttt gaaagacagt agtaactcga ggacggggtg aactacgcct 3120

gaggatccga tctttttccc tctgccaaaa attatgggga catcatgaag ccccttgagc 3180

atctgacttc tggctaataa aggaaattta ttttcattgc aatagtgtgt tggaattttt 3240

tgtgtctctc actcggccta ggtagataag tagcatggcg ggttaatcat taactacaag 3300
gaacccctag tgatggagtt ggccactccc tctctgcgcg ctcgctcgct cactgaggcc 3360
gggcgaccaa aggtcgcccg acgcccgggc tttgcccggg cggcctcagt gagcgagcga 3420
gcgcgcag 3428

<210> 1761
<211> 3476
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 1761

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120
aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180
atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240
tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300
tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360
tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420
aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540
tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600
ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660
ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720
gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780
tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840
cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960
ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020
cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcatgaagg agaccgctgc tgcaaagttc gagagacagc 1620

atatggatag ctccacaagc gccgcagcta gaccttgcat ccccaagagc ttcggctaca 1680

gcagcgtcgt gtgcgtgtgc aatgccacct actgcgacag cttcgaccct cctacctttc 1740

ctgctctggg caccttcagc agatacgaga gcaccagatc cggcagacgg atggaactga 1800

gcatgggacc catccaggcc aatcacacag gcactggcct gctgctgaca ctgcagcctg 1860

agcagaaatt ccagaaagtg aaaggcttcg gcggagccat gacagatgcc gccgctctga 1920

atatcctggc tctgtctcca ccagctcaga acctgctgct caagagctac ttcagcgagg 1980

aaggcatcgg ctacaacatc atcagagtgc ccatggccag ctgcgacttc agcatcagga 2040

cctacaccta cgccgacaca cccgacgatt tccagctgca caacttcagc ctgcctgaag 2100

aggacaccaa gctgaagatc cctctgatcc acagagccct gcagctggca caaagacccg 2160

tgtcactgct ggcctctcca tggacatctc ccacctggct gaaaacaaat ggcgccgtga 2220

atggcaaggg cagcctgaaa ggccaacctg gcgacatcta ccaccagacc tgggccagat 2280

acttcgtgaa gttcctggac gcctatgccg agcacaagct gcagttttgg gccgtgacag 2340

ccgagaacga accttctgct ggactgctga gcggctaccc ctttcagtgc ctgggcttta 2400

cacccgagca ccagcgggac tttatcgccc gtgatctggg acccacactg gccaatagca 2460

cccaccataa tgtgcggctg ctgatgctgg acgaccagag actgcttctg ccccactggg 2520

ctaaagtggt gctgacagat cctgaggccg ccaaatacgt gcacggaatc gccgtgcact 2580

ggtatctgga ctttctggcc cctgccaagg ccacactggg agagacacac agactgttcc 2640

ccaacaccat gctgttcgcc agcgaagcct gtgtgggcag caagttttgg gaacagagcg 2700

tgcggctcgg cagctgggat agaggcatgc agtacagcca cagcatcatc accaacctgc 2760

tgtaccacgt cgtcggctgg accgactgga atctggccct gaatcctgaa ggcggcccta 2820

actgggtccg aaacttcgtg gacagcccca tcatcgtgga catcaccaag gacaccttct 2880

acaagcagcc catgttctac cacctgggac acttcagcaa gttcatcccc gagggctctc 2940

agcgcgttgg actggtggct tcccagaaga acgatctgga cgccgtggct ctgatgcacc 3000

ctgatggatc tgctgtggtg gtggtcctga accgcagcag caaagatgtg cccctgacca 3060

tcaaggatcc cgccgtggga ttcctggaaa caatcagccc tggctactcc atccacacct 3120

acctgtggcg tagacagtag taactcgagg acggggtgaa ctacgcctga ggatccgatc 3180

tttttccctc tgccaaaaat tatggggaca tcatgaagcc ccttgagcat ctgacttctg 3240

gctaataaag gaaatttatt ttcattgcaa tagtgtgttg gaatttttg tgtctctcac 3300

tcggcctagg tagataagta gcatggcggg ttaatcatta actacaagga acccctagtg 3360

atggagttgg ccactccctc tctgcgcgct cgctcgctca ctgaggccgg gcgaccaaag 3420

gtcgcccgac gcccgggctt tgcccgggcg gcctcagtga gcgagcgagc gcgcag 3476

<210> 1762

<211> 3428

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1762

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980

acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100

cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160

gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280

agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340

ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400

accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460

aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520

atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580

acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640

ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700

accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760

gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820
agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880
gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940
atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000
aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060
tgtggcgtag acagcagaaa atcctggatt agtaactcga ggacggggtg aactacgcct 3120
gaggatccga tctttttccc tctgccaaaa attatgggga catcatgaag ccccttgagc 3180

atctgacttc tggctaataa aggaaattta ttttcattgc aatagtgtgt tggaattttt 3240
tgtgtctctc actcggccta ggtagataag tagcatggcg ggttaatcat taactacaag 3300
gaaccctag tgatggagtt ggccactccc tctctgcgcg ctcgctcgct cactgaggcc 3360
gggcgaccaa aggtcgcccg acgcccgggc tttgcccggg cggcctcagt gagcgagcga 3420
gcgcgcag 3428

<210> 1763
<211> 3428
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1763
ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60
ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120
aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180
atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240
tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300
tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360
tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480
caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540
tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980

acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100

cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160

gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280

agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340

ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400

accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460

aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520

atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580
acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640
ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700
accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760
gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820
agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880
gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940

atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000
aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060
tgtggcgtag acagcagaga ttcttcgagt agtaactcga ggacggggtg aactacgcct 3120
gaggatccga tctttttccc tctgccaaaa attatgggga catcatgaag ccccttgagc 3180
atctgacttc tggctaataa aggaaattta ttttcattgc aatagtgtgt tggaattttt 3240
tgtgtctctc actcggccta ggtagataag tagcatggcg ggttaatcat taactacaag 3300
gaaccctag tgatggagtt ggccactccc tctctgcgcg ctcgctcgct cactgaggcc 3360

gggcgaccaa aggtcgcccg acgcccgggc tttgcccggg cggcctcagt gagcgagcga 3420
gcgcgcag 3428
<210> 1764
<211> 3512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1764
ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60
ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120
aggggttcct gtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240
tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300
tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980

acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100

cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160

gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280

agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340
ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400
accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460
aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520
atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580
acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640
ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700

accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760
gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820
agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880
gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940
atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000
aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060
tgtggcgtag acagggaggg gggggttcgg gtggcggcgg aagtgggggc ggtggttctc 3120

tacggaagct gcggaagcgg ctactgctgc ggaaacttcg gaaacggcta ctgtagtaac 3180
tcgaggacgg ggtgaactac gcctgaggat ccgatctttt tccctctgcc aaaaattatg 3240
gggacatcat gaagcccctt gagcatctga cttctggcta ataaaggaaa tttattttca 3300
ttgcaatagt gtgttggaat tttttgtgtc tctcactcgg cctaggtaga taagtagcat 3360
ggcgggttaa tcattaacta caaggaaccc ctagtgatgg agttggccac tccctctctg 3420
cgcgctcgct cgctcactga ggccgggcga ccaaaggtcg cccgacgccc gggctttgcc 3480
cgggcggcct cagtgagcga gcgagcgcgc ag 3512

<210> 1765
<211> 3500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1765
ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980

acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040
acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100
cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160
gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220
tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280
agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340
ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400

accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460
aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520
atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580
acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640
ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700
accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760
gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820

agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880
gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940
atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000
aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060
tgtggcgtag acagggaggg gggggttcgg gtggcggcgg aagtgggggc ggtggttctt 3120
atggcaggaa aaagcggagg caaaggcgcc gccccccccca gtagtaactc gaggacgggg 3180
tgaactacgc ctgaggatcc gatcttttc cctctgccaa aaattatggg gacatcatga 3240

agcccccttga gcatctgact tctggctaat aaaggaaatt tattttcatt gcaatagtgt 3300
gttggaattt tttgtgtctc tcactcggcc taggtagata agtagcatgg cgggttaatc 3360
attaactaca aggaacccct agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg 3420
ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca 3480
gtgagcgagc gagcgcgcag 3500

<210> 1766

<211> 4463

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1766

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc tccggtgccg ccaccatgga attcagcagc cccagcagag 900

aggaatgccc caagcctctg agccgggtgt caatcatggc cggatctctg acaggactgc 960

tgctgcttca ggccgtgtct tgggcttctg gcgctagacc ttgcatcccc aagagcttcg 1020

gctacagcag cgtcgtgtgc gtgtgcaatg ccacctactg cgacagcttc gaccctccta 1080

cctttcctgc tctgggcacc ttcagcagat acgagagcac cagatccggc agacggatgg 1140

aactgagcat gggacccatc caggccaatc acacaggcac tggcctgctg ctgacactgc 1200

agcctgagca gaaattccag aaagtgaaag gcttcggcgg agccatgaca gatgccgccg 1260

ctctgaatat cctggctctg tctccaccag ctcagaacct gctgctcaag agctacttca 1320

gcgaggaagg catcggctac aacatcatca gagtgcccat ggccagctgc gacttcagca 1380

tcaggaccta cacctacgcc gacacacccg acgatttcca gctgcacaac ttcagcctgc 1440

ctgaagagga caccaagctg aagatccctc tgatccacag agccctgcag ctggcacaaa 1500

gacccgtgtc actgctggcc tctccatgga catctcccac ctggctgaaa acaaatggcg 1560

ccgtgaatgg caagggcagc ctgaaaggcc aacctggcga catctaccac cagacctggg 1620

ccagatactt cgtgaagttc ctggacgcct atgccgagca caagctgcag ttttgggccg 1680

tgacagccga gaacgaacct tctgctggac tgctgagcgg ctaccccttt cagtgcctgg 1740
gctttacacc cgagcaccag cgggacttta tcgcccgtga tctgggaccc acactggcca 1800
atagcaccca ccataatgtg cggctgctga tgctggacga ccagagactg cttctgcccc 1860
actgggctaa agtggtgctg acagatcctg aggccgccaa atacgtgcac ggaatcgccg 1920
tgcactggta tctggacttt ctggcccctg ccaaggccac actgggagag acacacagac 1980
tgttccccaa caccatgctg ttcgccagcg aagcctgtgt gggcagcaag ttttgggaac 2040
agagcgtgcg gctcggcagc tgggatagag gcatgcagta cagccacagc atcatcacca 2100

acctgctgta ccacgtcgtc ggctggaccg actggaatct ggccctgaat cctgaaggcg 2160
gccctaactg ggtccgaaac ttcgtggaca gccccatcat cgtggacatc accaaggaca 2220
ccttctacaa gcagcccatg ttctaccacc tgggacactt cagcaagttc atccccgagg 2280
gctctcagcg cgttggactg gtggcttccc agaagaacga tctggacgcc gtggctctga 2340
tgcaccctga tggatctgct gtggtggtgg tcctgaaccg cagcagcaaa gatgtgcccc 2400
tgaccatcaa ggatcccgcc gtgggattcc tggaaacaat cagccctggc tactccatcc 2460
acacctacct gtggcgtaga cagagaaaga ggcgagaggg cagaggaagt cttctaacat 2520

gcggtgacgt ggaggagaat cccggcccta tgtacgccct cttcctcctg gccagcctcc 2580
tgggcgcggc tctagccggc ccggtccttg gactgaaaga atgcaccagg ggctcggcag 2640
tgtggtgcca gaatgtgaag acggcgtccg actgcggggc agtgaagcac tgcctgcaga 2700
ccgtttggaa caagccaaca gtgaaatccc ttccctgcga catatgcaaa gacgttgtca 2760
ccgcagctgg tgatatgctg aaggacaatg ccactgagga ggagatcctt gtttacttgg 2820
agaagacctg tgactggctt ccgaaaccga acatgtctgc ttcatgcaag gagatagtgg 2880
actcctacct ccctgtcatc ctggacatca ttaaaggaga aatgagccgt cctggggagg 2940

tgtgctctgc tctcaacctc tgcgagtctc tccagaagca cctagcagag ctgaatcacc 3000
agaagcagct ggagtccaat aagatcccag agctggacat gactgaggtg gtggcccccc 3060
tcatggccaa catccctctc ctcctctacc ctcaggacgg cccccgcagc aagccccagc 3120
caaaggataa tggggacgtt tgccaggact gcattcagat ggtgactgac atccagactg 3180
ctgtacggac caactccacc tttgtccagg ccttggtgga acatgtcaag gaggagtgtg 3240
accgcctggg ccctggcatg gccgacatat gcaagaacta tatcagccag tattctgaaa 3300
ttgctatcca gatgatgatg cacatgcaac ccaaggagat ctgtgcgctg gttgggttct 3360

gtgatgaggt gaaagagatg cccatgcaga ctctggtccc cgccaaagtg gcctccaaga 3420

atgtcatccc tgccctggaa ctggtggagc ccattaagaa gcacgaggtc ccagcaaagt 3480

ctgatgttta ctgtgaggtg tgtgaattcc tggtgaagga ggtgaccaag ctgattgaca 3540

acaacaagac tgagaaagaa atactcgacg cttttgacaa aatgtgctcg aagctgccga 3600

agtccctgtc ggaagagtgc caggaggtgg tggacacgta cggcagctcc atcctgtcca 3660

tcctgctgga ggaggtcagc cctgagctgg tgtgcagcat gctgcacctc tgctctggca 3720

cgcggctgcc tgcactgacc gttcacgtga ctcagccaaa ggacggtggc ttctgcgaag 3780

tgtgcaagaa gctggtgggt tatttggatc gcaacctgga gaaaaacagc accaagcagg 3840

agatcctggc tgctcttgag aaaggctgca gcttcctgcc agacccttac cagaagcagt 3900

gtgatcagtt tgtggcagag tacgagcccg tgctgatcga gatcctggtg gaggtgatgg 3960

atccttcctt cgtgtgcttg aaaattggag cctgcccctc ggcccataag cccttgttgg 4020

gaactgagaa gtgtatatgg ggcccaagct actggtgcca gaacacagag acagcagccc 4080

agtgcaatgc tgtcgagcat tgcaaacgcc atgtgtggaa ctagtagtaa ctcgaggacg 4140

gggtgaacta cgcctgagga tccgatcttt ttccctctgc caaaaattat ggggacatca 4200

tgaagcccct tgagcatctg acttctggct aataaaggaa atttattttc attgcaatag 4260

tgtgttggaa ttttttgtgt ctctcactcg gcctaggtag ataagtagca tggcgggtta 4320

atcattaact acaaggaacc cctagtgatg gagttggcca ctccctctct gcgcgctcgc 4380

tcgctcactg aggccgggcg accaaaggtc gcccgacgcc cgggctttgc ccgggcggcc 4440

tcagtgagcg agcgagcgcg cag 4463

<210> 1767

<211> 3878

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1767

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980

acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100

cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160
gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220
tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280
agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340
ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400
accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460
aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520

atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580
acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640
ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700
accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760
gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820
agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880
gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940

atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000
aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060
tgtggcgtag acagagaaag aggcgagagg gcagaggaag tcttctaaca tgcggtgacg 3120
tggaggagaa tcccggccct atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc ctgggcgcgg 3180
ctctagccgt gaaagagatg cccatgcaga ctctggtccc cgccaaagtg gcctccaaga 3240
atgtcatccc tgccctggaa ctggtggagc ccattaagaa gcacgaggtc ccagcaaagt 3300
ctgatgttta ctgtgaggtg tgtgaattcc tggtgaagga ggtgaccaag ctgattgaca 3360

acaacaagac tgagaaagaa atactcgacg cttttgacaa aatgtgctcg aagctgccga 3420
agtccctgtc ggaagagtgc caggaggtgg tggacacgta cggcagctcc atcctgtcca 3480
tcctgctgga ggaggtcagc cctgagctgg tgtgcagcat gctgcacctc tgctctggct 3540
agtaactcga ggacggggtg aactacgcct gaggatccga tctttttccc tctgccaaaa 3600
attatgggga catcatgaag ccccttgagc atctgacttc tggctaataa aggaaattta 3660
ttttcattgc aatagtgtgt tggaattttt tgtgtctctc actcggccta ggtagataag 3720
tagcatggcg ggttaatcat taactacaag gaacccctag tgatggagtt ggccactccc 3780

tctctgcgcg ctcgctcgct cactgaggcc gggcgaccaa aggtcgcccg acgcccgggc 3840

tttgcccggg cggcctcagt gagcgagcga gcgcgcag 3878

<210> 1768

<211> 3767

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1768

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980

acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100

cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160

gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280

agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340

ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400

accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460

aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520

atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580

acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640

ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700

accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760

gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820

agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880

gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940

atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000

aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060

tgtggcgtag acagagaaag aggcgagagg gcagaggaag tcttctaaca tgcggtgacg 3120

tggaggagaa tcccggccct atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc ctgggcgcgg 3180
ctctagcctc tgatgtttac tgtgaggtgt gtgaattcct ggtgaaggag gtgaccaagc 3240
tgattgacaa caacaagact gagaaagaaa tactcgacgc ttttgacaaa atgtgctcga 3300
agctgccgaa gtccctgtcg gaagagtgcc aggaggtggt ggacacgtac ggcagctcca 3360
tcctgtccat cctgctggag gaggtcagcc ctgagctggt gtgcagcatg ctgcacctct 3420
gctctggcta gtaactcgag gacggggtga actacgcctg aggatccgat ctttttccct 3480
ctgccaaaaa ttatggggac atcatgaagc cccttgagca tctgacttct ggctaataaa 3540

ggaaatttat tttcattgca atagtgtgtt ggaatttttt gtgtctctca ctcggcctag 3600
gtagataagt agcatggcgg gttaatcatt aactacaagg aacccctagt gatggagttg 3660
gccactccct ctctgcgcgc tcgctcgctc actgaggccg ggcgaccaaa ggtcgcccga 3720
cgcccgggct ttgcccgggc ggcctcagtg agcgagcgag cgcgcag 3767

<210> 1769
<211> 3560
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1769

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120
aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180
atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240
tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300
tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360
tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420
aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540
tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600
ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980

acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100

cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160

gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280

agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340

ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400

accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460

aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520

atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580

acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640
ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700
accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760
gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820
agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880
gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940
atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000

aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060
tgtggcgtag acagggaggg gggggttcgg gtggcggcgg aagtgggggc ggtggttctt 3120
ccgtaatcga cgccttacag tataagctgg agggaaccac cagattgaca aggaaacgag 3180
ggcttaagct tgctactgca ctatccctga gcaataaatt ttagtaactc gaggacgggg 3240
tgaactacgc ctgaggatcc gatctttttc cctctgccaa aaattatggg gacatcatga 3300
agccccttga gcatctgact tctggctaat aaaggaaatt tattttcatt gcaatagtgt 3360
gttggaattt tttgtgtctc tcactcggcc taggtagata agtagcatgg cgggttaatc 3420

attaactaca aggaacccct agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg 3480
ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca 3540
gtgagcgagc gagcgcgcag 3560

<210> 1770
<211> 3500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1770

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60
ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct gtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180
atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240
tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggctatggca ggaaaaagcg gaggcaaagg cgccgccccc 1620

cccagggagg gggggttcg ggtggcggcg gaagtggggg cggtggttct gctagacctt 1680

gcatccccaa gagcttcggc tacagcagcg tcgtgtgcgt gtgcaatgcc acctactgcg 1740

acagcttcga ccctcctacc tttcctgctc tgggcacctt cagcagatac gagagcacca 1800

gatccggcag acggatggaa ctgagcatgg gacccatcca ggccaatcac acaggcactg 1860

gcctgctgct gacactgcag cctgagcaga aattccagaa agtgaaaggc ttcggcggag 1920

ccatgacaga tgccgccgct ctgaatatcc tggctctgtc tccaccagct cagaacctgc 1980

tgctcaagag ctacttcagc gaggaaggca tcggctacaa catcatcaga gtgcccatgg 2040

ccagctgcga cttcagcatc aggacctaca cctacgccga cacacccgac gatttccagc 2100

tgcacaactt cagcctgcct gaagaggaca ccaagctgaa gatccctctg atccacagag 2160

ccctgcagct ggcacaaaga cccgtgtcac tgctggcctc tccatggaca tctcccacct 2220

ggctgaaaac aaatggcgcc gtgaatggca agggcagcct gaaaggccaa cctggcgaca 2280
tctaccacca gacctgggcc agatacttcg tgaagttcct ggacgcctat gccgagcaca 2340
agctgcagtt ttgggccgtg acagccgaga acgaaccttc tgctggactg ctgagcggct 2400
acccctttca gtgcctgggc tttacacccg agcaccagcg ggactttatc gcccgtgatc 2460
tgggacccac actggccaat agcacccacc ataatgtgcg gctgctgatg ctggacgacc 2520
agagactgct tctgccccac tgggctaaag tggtgctgac agatcctgag gccgccaaat 2580
acgtgcacgg aatcgccgtg cactggtatc tggactttct ggcccctgcc aaggccacac 2640

tgggagagac acacagactg ttccccaaca ccatgctgtt cgccagcgaa gcctgtgtgg 2700
gcagcaagtt ttgggaacag agcgtgcggc tcggcagctg ggatagaggc atgcagtaca 2760
gccacagcat catcaccaac ctgctgtacc acgtcgtcgg ctggaccgac tggaatctgg 2820
ccctgaatcc tgaaggcggc cctaactggg tccgaaactt cgtggacagc cccatcatcg 2880
tggacatcac caaggacacc ttctacaagc agcccatgtt ctaccacctg ggacacttca 2940
gcaagttcat ccccgagggc tctcagcgcg ttggactggt ggcttcccag aagaacgatc 3000
tggacgccgt ggctctgatg caccctgatg gatctgctgt ggtggtggtc ctgaaccgca 3060

gcagcaaaga tgtgcccctg accatcaagg atcccgccgt gggattcctg gaaacaatca 3120
gccctggcta ctccatccac acctacctgt ggcgtagaca gtagtaactc gaggacgggg 3180
tgaactacgc ctgaggatcc gatcttttc cctctgccaa aaattatggg gacatcatga 3240
agccccttga gcatctgact tctggctaat aaaggaaatt tattttcatt gcaatagtgt 3300
gttggaattt tttgtgtctc tcactcggcc taggtagata agtagcatgg cgggttaatc 3360
attaactaca aggaacccct agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg 3420
ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca 3480

gtgagcgagc gagcgcgcag 3500

<210> 1771

<211> 3458

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1771

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980
acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040
acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100
cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160
gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220
tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280
agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340

ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400
accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460
aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520
atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580
acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640
ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700
accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760

gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820
agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880
gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940
atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000
aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060
tgtggcgtag acagaagttt gaaagacagc agaaaatcct ggatcagaga ttcttcgagt 3120
agtaactcga ggacggggtg aactacgcct gaggatccga tctttttccc tctgccaaaa 3180

attatgggga catcatgaag ccccttgagc atctgacttc tggctaataa aggaaattta 3240
ttttcattgc aatagtgtgt tggaattttt tgtgtctctc actcggccta ggtagataag 3300
tagcatggcg ggttaatcat taactacaag gaacccctag tgatggagtt ggccactccc 3360
tctctgcgcg ctcgctcgct cactgaggcc gggcgaccaa aggtcgcccg acgcccgggc 3420
tttgcccggg cggcctcagt gagcgagcga gcgcgcag 3458

<210> 1772

<211> 1608

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1772

atggaattct ctagcccatc tagagaggaa tgtcctaagc ctctgtcaag agtgtccatc 60

atggccggca gcctgacagg cctgctgctg ctgcaggccg tgtcctgggc cagtggagcc 120

cggccctgca tccctaagtc cttcggctat tctagcgtgg tctgcgtgtg taatgccact 180

tactgcgaca gcttcgaccc tcctaccttc cccgcccttg gaacattcag cagatacgag 240

agcaccagaa gcggcagaag aatggaactg agcatgggcc caatccaggc caaccacacc 300

ggcaccggcc tgctgctgac actgcaacct gagcagaagt tccagaaggt gaagggattt 360

ggaggcgcca tgaccgacgc tgctgctctg aacatcctgg ccctctcccc acctgctcag 420

aacctgctgc ttaaaagcta cttcagcgag gaaggcatcg gctataacat catcagagtg 480

cccatggcca gctgcgactt cagcatcaga acatacacct acgccgatac acctgatgac 540

ttccaactgc acaacttcag cctgcctgaa gaggacacaa agctgaaaat ccccctgatc 600

caccgggccc tgcagctggc ccagagacct gtgagcctgc tggcctctcc ttggacaagc 660

cccacctggc tgaagaccaa tggagctgtg aacggcaagg gcagcctgaa gggccagccc 720

ggcgacatct accaccaaac ctgggctcgc tacttcgtga aattcctgga cgcctacgct 780

gagcataagc tgcaattttg ggccgttaca gccgagaacg agccttctgc cggcctgctg 840

tctggatatc ctttccagtg cctgggcttc acccctgagc accagagaga ctttatcgcc 900

agagatctgg ggcctaccct ggctaacagc acacaccaca acgtgcggct gctgatgctg 960

gacgatcaga ggctgctgct cccccactgg gccaaggtgg tgctgacaga tccggaggcc 1020

gccaaatacg tgcacggcat cgccgtccac tggtacctgg atttcctggc ccctgccaag 1080

gccaccctgg gcgagacaca tagactgttt cctaatacca tgctgttcgc cagcgaggcc 1140

tgcgtgggca gcaagttctg ggaacagagc gtgcggctgg gcagctggga cagaggaatg 1200

cagtacagcc acagcatcat taccaacctg ctgtaccacg tggtgggctg gaccgactgg 1260

aacctggccc tgaaccccga aggcggcccc aactgggtgc ggaacttcgt ggactctcct 1320

atcatcgtgg atattaccaa ggataccttt tacaagcagc ctatgttcta ccacctgggc 1380

cacttcagca agttcatccc tgagggctct cagcgggtgg gcctggtggc ctctcagaaa 1440

aacgacctgg atgccgttgc cctgatgcac cccgacggca gcgccgtggt ggtcgtcctg 1500

aatagaagct ccaaggacgt gcctctgacc atcaaggacc ccgctgtggg atttctggaa 1560

accatcagcc ctggctacag catccacacc tacctgtggc ggcggcag 1608

<210> 1773

<211> 1491

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1773

gcccggccct gcatccctaa gtccttcggc tattctagcg tggtctgcgt gtgtaatgcc 60

acttactgcg acagcttcga ccctcctacc ttccccgccc ttggaacatt cagcagatac 120

gagagcacca gaagcggcag aagaatggaa ctgagcatgg gcccaatcca ggccaaccac 180

accggcaccg gcctgctgct gacactgcaa cctgagcaga agttccagaa ggtgaaggga 240

tttggaggcg ccatgaccga cgctgctgct ctgaacatcc tggccctctc cccacctgct 300

cagaacctgc tgcttaaaag ctacttcagc gaggaaggca tcggctataa catcatcaga 360

gtgcccatgg ccagctgcga cttcagcatc agaacataca cctacgccga tacacctgat 420

gacttccaac tgcacaactt cagcctgcct gaagaggaca caaagctgaa aatccccctg 480

atccaccggg ccctgcagct ggcccagaga cctgtgagcc tgctggcctc tccttggaca 540

agccccacct ggctgaagac caatggagct gtgaacggca agggcagcct gaagggccag 600

cccggcgaca tctaccacca aacctgggct cgctacttcg tgaaattcct ggacgcctac 660

gctgagcata agctgcaatt ttgggccgtt acagccgaga acgagccttc tgccggcctg 720

ctgtctggat atcctttcca gtgcctgggc ttcacccctg agcaccagag agactttatc 780

gccagagatc tggggcctac cctggctaac agcacacacc acaacgtgcg gctgctgatg 840

ctggacgatc agaggctgct gctcccccac tgggccaagg tggtgctgac agatccggag 900

gccgccaaat acgtgcacgg catcgccgtc cactggtacc tggatttcct ggcccctgcc 960

aaggccaccc tgggcgagac acatagactg tttcctaata ccatgctgtt cgccagcgag 1020

gcctgcgtgg gcagcaagtt ctgggaacag agcgtgcggc tgggcagctg ggacagagga 1080

atgcagtaca gccacagcat cattaccaac ctgctgtacc acgtggtggg ctggaccgac 1140

tggaacctgg ccctgaaccc cgaaggcggc cccaactggg tgcggaactt cgtggactct 1200

cctatcatcg tggatattac caaggatacc ttttacaagc agcctatgtt ctaccacctg 1260

ggccacttca gcaagttcat ccctgagggc tctcagcggg tgggcctggt ggcctctcag 1320

aaaaacgacc tggatgccgt tgccctgatg caccccgacg gcagcgccgt ggtggtcgtc 1380

ctgaatagaa gctccaagga cgtgcctctg accatcaagg accccgctgt gggatttctg 1440

gaaaccatca gccctggcta cagcatccac acctacctgt ggcggcggca g 1491

<210> 1774

<211> 536

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1774

Met Glu Phe Ser Ser Pro Ser Arg Glu Glu Cys Pro Lys Pro Leu Ser
1 5 10 15

Arg Val Ser Ile Met Ala Gly Ser Leu Thr Gly Leu Leu Leu Leu Gln
20 25 30

Ala Val Ser Trp Ala Ser Gly Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe
35 40 45

Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser
50 55 60

Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu
65 70 75 80

Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln
85 90 95

Ala Asn His Thr Gly Thr Gly Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln
100 105 110

Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala
115 120 125

Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu
130 135 140

Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val
145 150 155 160

Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp
165 170 175

Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp
180 185 190

Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln
195 200 205

Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu
210 215 220

Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro
225 230 235 240

Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu
245 250 255

Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu
260 265 270

Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu
275 280 285

Gly Phe Thr Pro Glu His Gln Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly
290 295 300

Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu
305 310 315 320

Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr
325 330 335

Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr
340 345 350

Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg
355 360 365

Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser
370 375 380

Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met
385 390 395 400

Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly
405 410 415

Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp

420 425 430

Val Arg Asn Phe Val Asp Ser Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp

435 440 445

Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys

450 455 460

Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys

465 470 475 480

Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val

485 490 495

Val Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys

500 505 510

Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile

515 520 525

His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg Gln

530 535

<210> 1775

<211> 497

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1775

Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys

1 5 10 15

Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro

20 25 30

Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg

35 40 45

Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln Ala Asn His Thr Gly Thr Gly

50 55 60

Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly

65 70 75 80

Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu
85 90 95

Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu
100 105 110

Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe
115 120 125

Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu
130 135 140

His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu
145 150 155 160

Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala
165 170 175

Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn
180 185 190

Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr
195 200 205

Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys
210 215 220

Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu
225 230 235 240

Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu Gly Phe Thr Pro Glu His Gln
245 250 255

Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr
260 265 270

His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu
275 280 285

Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr
290 295 300

Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala
305 310 315 320

Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu
325 330 335

Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val
340 345 350
Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile
355 360 365
Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala
370 375 380
Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp Val Arg Asn Phe Val Asp Ser
385 390 395 400

Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met
405 410 415
Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln
420 425 430
Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala
435 440 445
Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val Val Val Val Leu Asn Arg Ser
450 455 460

Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu
465 470 475 480
Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg
485 490 495
Gln

<210> 1776
<211> 1608
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"
<400> 1776

atggagtttt caagtccttc cagagaggaa tgtcccaagc ctttgagtag ggtaagcatc 60

atggctggca gcctcacagg attgcttcta cttcaggcag tgtcgtgggc atcaggtgcc 120

cgcccctgca tccctaaaag cttcggctac agctcggtgg tgtgtgtctg caatgccaca 180

tactgtgact cctttgaccc cccgaccttt cctgcccttg gtaccttcag ccgctatgag 240

agtacacgca gtgggcgacg gatggagctg agtatggggc ccatccaggc taatcacacg 300

ggcacaggcc tgctactgac cctgcagcca gaacagaagt tccagaaagt gaagggattt 360

ggaggggcca tgacagatgc tgctgctctc aacatccttg ccctgtcacc ccctgcccaa 420

aatttgctac ttaaatcgta cttctctgaa gaaggaatcg gatataacat catccgggta 480

cccatggcca gctgtgactt ctccatccgc acctacacct atgcagacac ccctgatgat 540

ttccagttgc acaacttcag cctcccagag gaagatacca agctcaagat acccctgatt 600

caccgagccc tgcagttggc ccagcgtccc gtttcactcc ttgccagccc ctggacatca 660

cccacttggc tcaagaccaa tggagcggtg aatgggaagg ggtcactcaa gggacagccc 720

ggagacatct accaccagac ctgggccaga tactttgtga agttcctgga tgcctatgct 780

gagcacaagt tacagttctg ggcagtgaca gctgaaaatg agccttctgc tgggctgttg 840

agtggatacc ccttccagtg cctgggcttc acccctgaac atcagcgaga cttcattgcc 900

cgtgacctag gtcctaccct cgccaacagt actcaccaca atgtccgcct actcatgctg 960

gatgaccaac gcttgctgct gccccactgg gcaaaggtgg tactgacaga cccagaagca 1020

gctaaatatg ttcatggcat tgctgtacat tggtacctgg actttctggc tccagccaaa 1080

gccaccctag gggagacaca ccgcctgttc cccaacacca tgctctttgc ctcagaggcc 1140

tgtgtgggct ccaagttctg ggagcagagt gtgcggctag gctcctggga tcgagggatg 1200

cagtacagcc acagcatcat cacgaacctc ctgtaccatg tggtcggctg gaccgactgg 1260

aaccttgccc tgaaccccga aggaggaccc aattgggtgc gtaactttgt cgacagtccc 1320

atcattgtag acatcaccaa ggacacgttt tacaaacagc ccatgttcta ccaccttggc 1380

cacttcagca agttcattcc tgagggctcc cagagagtgg ggctggttgc cagtcagaag 1440

aacgacctgg acgcagtggc actgatgcat cccgatggct ctgctgttgt ggtcgtgcta 1500

aaccgctcct ctaaggatgt gcctcttacc atcaaggatc ctgctgtggg cttcctggag 1560

acaatctcac ctggctactc cattcacacc tacctgtggc gtcgccag 1608

<210> 1777

<211> 1491

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1777

gcccgcccct gcatccctaa aagcttcggc tacagctcgg tggtgtgtgt ctgcaatgcc 60

acatactgtg actcctttga ccccccgacc tttcctgccc ttggtacctt cagccgctat 120

gagagtacac gcagtgggcg acggatggag ctgagtatgg ggcccatcca ggctaatcac 180

acgggcacag gcctgctact gaccctgcag ccagaacaga agttccagaa agtgaaggga 240

tttggagggg ccatgacaga tgctgctgct ctcaacatcc ttgccctgtc acccccctgcc 300

caaaatttgc tacttaaatc gtacttctct gaagaaggaa tcggatataa catcatccgg 360

gtacccatgg ccagctgtga cttctccatc cgcacctaca cctatgcaga cacccctgat 420

gatttccagt tgcacaactt cagcctccca gaggaagata ccaagctcaa gataccctg 480

attcaccgag ccctgcagtt ggcccagcgt cccgtttcac tccttgccag cccctggaca 540

tcacccactt ggctcaagac caatggagcg gtgaatggga aggggtcact caagggacag 600

cccggagaca tctaccacca gacctgggcc agatactttg tgaagttcct ggatgcctat 660

gctgagcaca agttacagtt ctgggcagtg acagctgaaa atgagccttc tgctgggctg 720

ttgagtggat acccttcca gtgcctgggc ttcacccctg aacatcagcg agacttcatt 780

gcccgtgacc taggtcctac cctcgccaac agtactcacc acaatgtccg cctactcatg 840

ctggatgacc aacgcttgct gctgccccac tgggcaaagg tggtactgac agacccagaa 900

gcagctaaat atgttcatgg cattgctgta cattggtacc tggactttct ggctccagcc 960

aaagccaccc taggggagac acaccgcctg ttccccaaca ccatgctctt tgcctcagag 1020

gcctgtgtgg gctccaagtt ctgggagcag agtgtgcggc taggctcctg ggatcgaggg 1080

atgcagtaca gccacagcat catcacgaac ctcctgtacc atgtggtcgg ctggaccgac 1140

tggaaccttg ccctgaaccc cgaaggagga cccaattggg tgcgtaactt tgtcgacagt 1200

cccatcattg tagacatcac caaggacacg ttttacaaac agcccatgtt ctaccacctt 1260

ggccacttca gcaagttcat tcctgagggc tcccagagag tggggctggt tgccagtcag 1320

aagaacgacc tggacgcagt ggcactgatg catcccgatg gctctgctgt tgtggtcgtg 1380

ctaaaccgct cctctaagga tgtgcctctt accatcaagg atcctgctgt gggcttcctg 1440

gagacaatct cacctggcta ctccattcac acctacctgt ggcgtcgcca g 1491

<210> 1778

<211> 536

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1778

Met Glu Phe Ser Ser Pro Ser Arg Glu Glu Cys Pro Lys Pro Leu Ser

1 5 10 15

Arg Val Ser Ile Met Ala Gly Ser Leu Thr Gly Leu Leu Leu Leu Gln

20 25 30

Ala Val Ser Trp Ala Ser Gly Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe

35 40 45

Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser

50 55 60

Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu

65 70 75 80

Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln

85 90 95

Ala Asn His Thr Gly Thr Gly Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln

100 105 110

Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala

115 120 125

Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu

130 135 140

Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val

145 150 155 160

Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp

165 170 175

Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp

180 185 190

Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln

195 200 205

Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu

210 215 220

Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro

225 230 235 240

Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu

245 250 255

Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu

260 265 270

Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu

275 280 285

Gly Phe Thr Pro Glu His Gln Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly

290 295 300

Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu

305 310 315 320

Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr

325 330 335

Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr

340 345 350

Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg

355 360 365

Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser

370 375 380

Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met

385 390 395 400

Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly

405 410 415

Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp

420 425 430

Val Arg Asn Phe Val Asp Ser Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp

435 440 445

Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys

450 455 460

Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys
465 470 475 480
Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val
485 490 495
Val Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys
500 505 510
Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile

515 520 525

His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg Gln

530 535

<210> 1779

<211> 497

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1779

Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys
1 5 10 15
Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro

20 25 30

Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg

35 40 45

Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln Ala Asn His Thr Gly Thr Gly

50 55 60

Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly
65 70 75 80
Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu

85 90 95

Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu

100 105 110

Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe

115 120 125

Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu

130 135 140

His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu

145 150 155 160

Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala

165 170 175

Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn

180 185 190

Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr

195 200 205

Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys

210 215 220

Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu

225 230 235 240

Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu Gly Phe Thr Pro Glu His Gln

245 250 255

Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr

260 265 270

His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu

275 280 285

Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr

290 295 300

Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala

305 310 315 320

Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu

325 330 335

Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val

340 345 350

Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile

355 360 365

Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala

370 375 380

Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp Val Arg Asn Phe Val Asp Ser

385 390 395 400

Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met

405 410 415

Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln

420 425 430

Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala

435 440 445

Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val Val Val Val Leu Asn Arg Ser

450 455 460

Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu

465 470 475 480

Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg

485 490 495

Gln

<210> 1780

<211> 1608

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1780

atggaattca gcagccccag cagagaggaa tgccccaagc ctctgagccg ggtgtcaatc 60

atggccggat ctctgacagg actgctgctg cttcaggccg tgtcttgggc ttctggcgct 120

agaccttgca tccccaagag cttcggctac agcagcgtcg tgtgcgtgtg caatgccacc 180
tactgcgaca gcttcgaccc tcctaccttt cctgctctgg gcaccttcag cagatacgag 240
agcaccagat ccggcagacg gatggaactg agcatgggac ccatccaggc caatcacaca 300
ggcactggcc tgctgctgac actgcagcct gagcagaaat tccagaaagt gaaaggcttc 360
ggcggagcca tgacagatgc cgccgctctg aatatcctgg ctctgtctcc accagctcag 420
aacctgctgc tcaagagcta cttcagcgag gaaggcatcg gctacaacat catcagagtg 480
cccatggcca gctgcgactt cagcatcagg acctacacct acgccgacac acccgacgat 540

ttccagctgc acaacttcag cctgcctgaa gaggacacca agctgaagat ccctctgatc 600
cacagagccc tgcagctggc acaaagaccc gtgtcactgc tggcctctcc atggacatct 660
cccacctggc tgaaaacaaa tggcgccgtg aatggcaagg gcagcctgaa aggccaacct 720
ggcgacatct accaccagac ctgggccaga tacttcgtga agttcctgga cgcctatgcc 780
gagcacaagc tgcagttttg ggccgtgaca gccgagaacg aaccttctgc tggactgctg 840
agcggctacc cctttcagtg cctgggcttt acacccgagc accagcggga ctttatcgcc 900
cgtgatctgg gacccacact ggccaatagc acccaccata atgtgcggct gctgatgctg 960

gacgaccaga gactgcttct gccccactgg gctaaagtgg tgctgacaga tcctgaggcc 1020
gccaaatacg tgcacggaat cgccgtgcac tggtatctgg actttctggc ccctgccaag 1080
gccacactgg gagagacaca cagactgttc cccaacacca tgctgttcgc cagcgaagcc 1140
tgtgtgggca gcaagttttg ggaacagagc gtgcggctcg gcagctggga tagaggcatg 1200
cagtacagcc acagcatcat caccaacctg ctgtaccacg tcgtcggctg gaccgactgg 1260
aatctggccc tgaatcctga aggcggccct aactgggtcc gaaacttcgt ggacagcccc 1320
atcatcgtgg acatcaccaa ggacaccttc tacaagcagc ccatgttcta ccacctggga 1380

cacttcagca agttcatccc cgagggctct cagcgcgttg gactggtggc ttcccagaag 1440
aacgatctgg acgccgtggc tctgatgcac cctgatggat ctgctgtggt ggtggtcctg 1500
aaccgcagca gcaaagatgt gcccctgacc atcaaggatc ccgccgtggg attcctggaa 1560
acaatcagcc ctggctactc catccacacc tacctgtggc gtagacag 1608

<210> 1781

<211> 1491

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1781

gctagacctt gcatccccaa gagcttcggc tacagcagcg tcgtgtgcgt gtgcaatgcc 60

acctactgcg acagcttcga ccctcctacc tttcctgctc tgggcacctt cagcagatac 120

gagagcacca gatccggcag acggatggaa ctgagcatgg gacccatcca ggccaatcac 180

acaggcactg gcctgctgct gacactgcag cctgagcaga aattccagaa agtgaaaggc 240

ttcggcggag ccatgacaga tgccgccgct ctgaatatcc tggctctgtc tccaccagct 300

cagaacctgc tgctcaagag ctacttcagc gaggaaggca tcggctacaa catcatcaga 360

gtgcccatgg ccagctgcga cttcagcatc aggacctaca cctacgccga cacacccgac 420

gatttccagc tgcacaactt cagcctgcct gaagaggaca ccaagctgaa gatccctctg 480

atccacagag ccctgcagct ggcacaaaga cccgtgtcac tgctggcctc tccatggaca 540

tctcccacct ggctgaaaac aaatggcgcc gtgaatggca agggcagcct gaaaggccaa 600

cctggcgaca tctaccacca gacctgggcc agatacttcg tgaagttcct ggacgcctat 660

gccgagcaca agctgcagtt ttgggccgtg acagccgaga acgaaccttc tgctggactg 720

ctgagcggct acccctttca gtgcctgggc tttacacccg agcaccagcg ggactttatc 780

gcccgtgatc tgggacccac actggccaat agcacccacc ataatgtgcg gctgctgatg 840

ctggacgacc agagactgct tctgccccac tgggctaaag tggtgctgac agatcctgag 900

gccgccaaat acgtgcacgg aatcgccgtg cactggtatc tggactttct ggcccctgcc 960

aaggccacac tgggagagac acacagactg ttccccaaca ccatgctgtt cgccagcgaa 1020

gcctgtgtgg gcagcaagtt ttgggaacag agcgtgcggc tcggcagctg ggatagaggc 1080

atgcagtaca gccacagcat catcaccaac ctgctgtacc acgtcgtcgg ctggaccgac 1140

tggaatctgg ccctgaatcc tgaaggcggc cctaactggg tccgaaactt cgtggacagc 1200

cccatcatcg tggacatcac caaggacacc ttctacaagc agcccatgtt ctaccacctg 1260

ggacacttca gcaagttcat ccccgagggc tctcagcgcg ttggactggt ggcttcccag 1320

aagaacgatc tggacgccgt ggctctgatg caccctgatg gatctgctgt ggtggtggtc 1380

ctgaaccgca gcagcaaaga tgtgcccctg accatcaagg atcccgccgt gggattcctg 1440

gaaacaatca gccctggcta ctccatccac acctacctgt ggcgtagaca g 1491

<210> 1782

<211> 536

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 1782

Met Glu Phe Ser Ser Pro Ser Arg Glu Glu Cys Pro Lys Pro Leu Ser
1 5 10 15

Arg Val Ser Ile Met Ala Gly Ser Leu Thr Gly Leu Leu Leu Leu Gln
20 25 30

Ala Val Ser Trp Ala Ser Gly Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe
35 40 45

Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser
50 55 60

Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu
65 70 75 80

Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln
85 90 95

Ala Asn His Thr Gly Thr Gly Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln
100 105 110

Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala
115 120 125

Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu
130 135 140

Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val
145 150 155 160

Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp
165 170 175

Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp
180 185 190

Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln
195 200 205

Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu
210 215 220
Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro
225 230 235 240
Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu
245 250 255
Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu
260 265 270

Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu
275 280 285
Gly Phe Thr Pro Glu His Gln Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly
290 295 300
Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu
305 310 315 320
Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr
325 330 335

Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr
340 345 350
Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg
355 360 365
Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser
370 375 380
Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met
385 390 395 400

Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly
405 410 415
Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp
420 425 430
Val Arg Asn Phe Val Asp Ser Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp
435 440 445
Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys

450 455 460

Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys
465 470 475 480
Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val
485 490 495
Val Val Val Leu Asn Arg Ser Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys
500 505 510
Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile
515 520 525

His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg Gln
530 535

<210> 1783
<211> 497
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"
<400> 1783
Ala Arg Pro Cys Ile Pro Lys Ser Phe Gly Tyr Ser Ser Val Val Cys
1 5 10 15
Val Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Asp Ser Phe Asp Pro Pro Thr Phe Pro
20 25 30

Ala Leu Gly Thr Phe Ser Arg Tyr Glu Ser Thr Arg Ser Gly Arg Arg
35 40 45
Met Glu Leu Ser Met Gly Pro Ile Gln Ala Asn His Thr Gly Thr Gly
50 55 60
Leu Leu Leu Thr Leu Gln Pro Glu Gln Lys Phe Gln Lys Val Lys Gly
65 70 75 80
Phe Gly Gly Ala Met Thr Asp Ala Ala Ala Leu Asn Ile Leu Ala Leu
85 90 95

Ser Pro Pro Ala Gln Asn Leu Leu Leu Lys Ser Tyr Phe Ser Glu Glu
100 105 110
Gly Ile Gly Tyr Asn Ile Ile Arg Val Pro Met Ala Ser Cys Asp Phe
115 120 125
Ser Ile Arg Thr Tyr Thr Tyr Ala Asp Thr Pro Asp Asp Phe Gln Leu
130 135 140
His Asn Phe Ser Leu Pro Glu Glu Asp Thr Lys Leu Lys Ile Pro Leu
145 150 155 160

Ile His Arg Ala Leu Gln Leu Ala Gln Arg Pro Val Ser Leu Leu Ala
165 170 175
Ser Pro Trp Thr Ser Pro Thr Trp Leu Lys Thr Asn Gly Ala Val Asn
180 185 190
Gly Lys Gly Ser Leu Lys Gly Gln Pro Gly Asp Ile Tyr His Gln Thr
195 200 205
Trp Ala Arg Tyr Phe Val Lys Phe Leu Asp Ala Tyr Ala Glu His Lys
210 215 220

Leu Gln Phe Trp Ala Val Thr Ala Glu Asn Glu Pro Ser Ala Gly Leu
225 230 235 240
Leu Ser Gly Tyr Pro Phe Gln Cys Leu Gly Phe Thr Pro Glu His Gln
245 250 255
Arg Asp Phe Ile Ala Arg Asp Leu Gly Pro Thr Leu Ala Asn Ser Thr
260 265 270
His His Asn Val Arg Leu Leu Met Leu Asp Asp Gln Arg Leu Leu Leu
275 280 285

Pro His Trp Ala Lys Val Val Leu Thr Asp Pro Glu Ala Ala Lys Tyr
290 295 300
Val His Gly Ile Ala Val His Trp Tyr Leu Asp Phe Leu Ala Pro Ala
305 310 315 320
Lys Ala Thr Leu Gly Glu Thr His Arg Leu Phe Pro Asn Thr Met Leu
325 330 335
Phe Ala Ser Glu Ala Cys Val Gly Ser Lys Phe Trp Glu Gln Ser Val

340 345 350

Arg Leu Gly Ser Trp Asp Arg Gly Met Gln Tyr Ser His Ser Ile Ile
355 360 365

Thr Asn Leu Leu Tyr His Val Val Gly Trp Thr Asp Trp Asn Leu Ala
370 375 380

Leu Asn Pro Glu Gly Gly Pro Asn Trp Val Arg Asn Phe Val Asp Ser
385 390 395 400

Pro Ile Ile Val Asp Ile Thr Lys Asp Thr Phe Tyr Lys Gln Pro Met
405 410 415

Phe Tyr His Leu Gly His Phe Ser Lys Phe Ile Pro Glu Gly Ser Gln
420 425 430

Arg Val Gly Leu Val Ala Ser Gln Lys Asn Asp Leu Asp Ala Val Ala
435 440 445

Leu Met His Pro Asp Gly Ser Ala Val Val Val Val Leu Asn Arg Ser
450 455 460

Ser Lys Asp Val Pro Leu Thr Ile Lys Asp Pro Ala Val Gly Phe Leu
465 470 475 480

Glu Thr Ile Ser Pro Gly Tyr Ser Ile His Thr Tyr Leu Trp Arg Arg
485 490 495

Gln

<210> 1784

<211> 82

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1784

Asp Gly Gly Phe Cys Glu Val Cys Lys Lys Leu Val Gly Tyr Leu Asp
1 5 10 15

Arg Asn Leu Glu Lys Asn Ser Thr Lys Gln Glu Ile Leu Ala Ala Leu
20 25 30

Glu Lys Gly Cys Ser Phe Leu Pro Asp Pro Tyr Gln Lys Gln Cys Asp

35 40 45

Gln Phe Val Ala Glu Tyr Glu Pro Val Leu Ile Glu Ile Leu Val Glu

50 55 60

Val Met Asp Pro Ser Phe Val Cys Leu Lys Ile Gly Ala Cys Pro Ser

65 70 75 80

Ala His

<210> 1785

<211> 508

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1785

Gly Pro Val Leu Gly Leu Lys Glu Cys Thr Arg Gly Ser Ala Val Trp

1 5 10 15

Cys Gln Asn Val Lys Thr Ala Ser Asp Cys Gly Ala Val Lys His Cys

20 25 30

Leu Gln Thr Val Trp Asn Lys Pro Thr Val Lys Ser Leu Pro Cys Asp

35 40 45

Ile Cys Lys Asp Val Val Thr Ala Ala Gly Asp Met Leu Lys Asp Asn

50 55 60

Ala Thr Glu Glu Glu Ile Leu Val Tyr Leu Glu Lys Thr Cys Asp Trp

65 70 75 80

Leu Pro Lys Pro Asn Met Ser Ala Ser Cys Lys Glu Ile Val Asp Ser

85 90 95

Tyr Leu Pro Val Ile Leu Asp Ile Ile Lys Gly Glu Met Ser Arg Pro

100 105 110

Gly Glu Val Cys Ser Ala Leu Asn Leu Cys Glu Ser Leu Gln Lys His

115 120 125

Leu Ala Glu Leu Asn His Gln Lys Gln Leu Glu Ser Asn Lys Ile Pro

130 135 140

Glu Leu Asp Met Thr Glu Val Val Ala Pro Phe Met Ala Asn Ile Pro

145 150 155 160

Leu Leu Leu Tyr Pro Gln Asp Gly Pro Arg Ser Lys Pro Gln Pro Lys
165 170 175
Asp Asn Gly Asp Val Cys Gln Asp Cys Ile Gln Met Val Thr Asp Ile
180 185 190
Gln Thr Ala Val Arg Thr Asn Ser Thr Phe Val Gln Ala Leu Val Glu
195 200 205

His Val Lys Glu Glu Cys Asp Arg Leu Gly Pro Gly Met Ala Asp Ile
210 215 220
Cys Lys Asn Tyr Ile Ser Gln Tyr Ser Glu Ile Ala Ile Gln Met Met
225 230 235 240
Met His Met Gln Pro Lys Glu Ile Cys Ala Leu Val Gly Phe Cys Asp
245 250 255
Glu Val Lys Glu Met Pro Met Gln Thr Leu Val Pro Ala Lys Val Ala
260 265 270

Ser Lys Asn Val Ile Pro Ala Leu Glu Leu Val Glu Pro Ile Lys Lys
275 280 285
His Glu Val Pro Ala Lys Ser Asp Val Tyr Cys Glu Val Cys Glu Phe
290 295 300
Leu Val Lys Glu Val Thr Lys Leu Ile Asp Asn Asn Lys Thr Glu Lys
305 310 315 320
Glu Ile Leu Asp Ala Phe Asp Lys Met Cys Ser Lys Leu Pro Lys Ser
325 330 335

Leu Ser Glu Glu Cys Gln Glu Val Val Asp Thr Tyr Gly Ser Ser Ile
340 345 350
Leu Ser Ile Leu Leu Glu Glu Val Ser Pro Glu Leu Val Cys Ser Met
355 360 365
Leu His Leu Cys Ser Gly Thr Arg Leu Pro Ala Leu Thr Val His Val
370 375 380
Thr Gln Pro Lys Asp Gly Gly Phe Cys Glu Val Cys Lys Lys Leu Val
385 390 395 400

Gly Tyr Leu Asp Arg Asn Leu Glu Lys Asn Ser Thr Lys Gln Glu Ile

405 410 415

Leu Ala Ala Leu Glu Lys Gly Cys Ser Phe Leu Pro Asp Pro Tyr Gln

420 425 430

Lys Gln Cys Asp Gln Phe Val Ala Glu Tyr Glu Pro Val Leu Ile Glu

435 440 445

Ile Leu Val Glu Val Met Asp Pro Ser Phe Val Cys Leu Lys Ile Gly

450 455 460

Ala Cys Pro Ser Ala His Lys Pro Leu Leu Gly Thr Glu Lys Cys Ile

465 470 475 480

Trp Gly Pro Ser Tyr Trp Cys Gln Asn Thr Glu Thr Ala Ala Gln Cys

485 490 495

Asn Ala Val Glu His Cys Lys Arg His Val Trp Asn

500 505

<210> 1786

<211> 399

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1786

atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc ctgggcgcgg ctctagccgt gaaagagatg 60

cccatgcaga ctctggtccc cgccaaagtg gcctccaaga atgtcatccc tgccctggaa 120

ctggtggagc ccattaagaa gcacgaggtc ccagcaaagt ctgatgttta ctgtgaggtg 180

tgtgaattcc tggtgaagga ggtgaccaag ctgattgaca acaacaagac tgagaaagaa 240

atactcgacg cttttgacaa aatgtgctcg aagctgccga agtccctgtc ggaagagtgc 300

caggaggtgg tggacacgta cggcagctcc atcctgtcca tcctgctgga ggaggtcagc 360

cctgagctgg tgtgcagcat gctgcacctc tgctctggc 399

<210> 1787

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1787

gtgaaagaga tgcccatgca gactctggtc cccgccaaag tggcctccaa gaatgtcatc 60

cctgccctgg aactggtgga gcccattaag aagcacgagg tcccagcaaa gtctgatgtt 120

tactgtgagg tgtgtgaatt cctggtgaag gaggtgacca agctgattga caacaacaag 180

actgagaaag aaatactcga cgcttttgac aaaatgtgct cgaagctgcc gaagtccctg 240

tcggaagagt gccaggaggt ggtggacacg tacggcagct ccatcctgtc catcctgctg 300

gaggaggtca gccctgagct ggtgtgcagc atgctgcacc tctgctctgg c 351

<210> 1788

<211> 133

<212> PRT

<

213> Homo sapiens

<400> 1788

Met Tyr Ala Leu Phe Leu Leu Ala Ser Leu Leu Gly Ala Ala Leu Ala
1 5 10 15

Val Lys Glu Met Pro Met Gln Thr Leu Val Pro Ala Lys Val Ala Ser
20 25 30

Lys Asn Val Ile Pro Ala Leu Glu Leu Val Glu Pro Ile Lys Lys His
35 40 45

Glu Val Pro Ala Lys Ser Asp Val Tyr Cys Glu Val Cys Glu Phe Leu
50 55 60

Val Lys Glu Val Thr Lys Leu Ile Asp Asn Asn Lys Thr Glu Lys Glu
65 70 75 80

Ile Leu Asp Ala Phe Asp Lys Met Cys Ser Lys Leu Pro Lys Ser Leu
85 90 95

Ser Glu Glu Cys Gln Glu Val Val Asp Thr Tyr Gly Ser Ser Ile Leu
100 105 110

Ser Ile Leu Leu Glu Glu Val Ser Pro Glu Leu Val Cys Ser Met Leu
115 120 125

His Leu Cys Ser Gly
130

<210> 1789

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1789

Val Lys Glu Met Pro Met Gln Thr Leu Val Pro Ala Lys Val Ala Ser
1 5 10 15
Lys Asn Val Ile Pro Ala Leu Glu Leu Val Glu Pro Ile Lys Lys His
20 25 30
Glu Val Pro Ala Lys Ser Asp Val Tyr Cys Glu Val Cys Glu Phe Leu
35 40 45

Val Lys Glu Val Thr Lys Leu Ile Asp Asn Asn Lys Thr Glu Lys Glu
50 55 60
Ile Leu Asp Ala Phe Asp Lys Met Cys Ser Lys Leu Pro Lys Ser Leu
65 70 75 80
Ser Glu Glu Cys Gln Glu Val Val Asp Thr Tyr Gly Ser Ser Ile Leu
85 90 95
Ser Ile Leu Leu Glu Glu Val Ser Pro Glu Leu Val Cys Ser Met Leu
100 105 110

His Leu Cys Ser Gly
115

<210> 1790
<211> 288
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 1790
atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc ctgggcgcgg ctctagcctc tgatgtttac 60
tgtgaggtgt gtgaattcct ggtgaaggag gtgaccaagc tgattgacaa caacaagact 120
gagaaagaaa tactcgacgc ttttgacaaa atgtgctcga agctgccgaa gtccctgtcg 180
gaagagtgcc aggaggtggt ggacacgtac ggcagctcca tcctgtccat cctgctggag 240
gaggtcagcc ctgagctggt gtgcagcatg ctgcacctct gctctggc 288
<210> 1791

<211> 240
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 1791
tctgatgttt actgtgaggt gtgtgaattc ctggtgaagg aggtgaccaa gctgattgac 60

aacaacaaga ctgagaaaga aatactcgac gcttttgaca aaatgtgctc gaagctgccg 120

aagtccctgt cggaagagtg ccaggaggtg gtggacacgt acggcagctc catcctgtcc 180

atcctgctgg aggaggtcag ccctgagctg gtgtgcagca tgctgcacct ctgctctggc 240

<210> 1792

<211> 96

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1792

Met Tyr Ala Leu Phe Leu Leu Ala Ser Leu Leu Gly Ala Ala Leu Ala
1 5 10 15

Ser Asp Val Tyr Cys Glu Val Cys Glu Phe Leu Val Lys Glu Val Thr
20 25 30

Lys Leu Ile Asp Asn Asn Lys Thr Glu Lys Glu Ile Leu Asp Ala Phe
35 40 45

Asp Lys Met Cys Ser Lys Leu Pro Lys Ser Leu Ser Glu Glu Cys Gln
50 55 60

Glu Val Val Asp Thr Tyr Gly Ser Ser Ile Leu Ser Ile Leu Leu Glu
65 70 75 80

Glu Val Ser Pro Glu Leu Val Cys Ser Met Leu His Leu Cys Ser Gly
85 90 95

<210> 1793

<211> 42

<212> DNA

<213> Human immunodeficiency virus

<400> 1793

tatggcagga aaaagcggag gcaaaggcgc cgccccccc ag 42

<210> 1794

<211> 14

<212> PRT

<213> Human immunodeficiency virus

<400> 1794

Tyr Gly Arg Lys Lys Arg Arg Gln Arg Arg Arg Pro Pro Gln
1 5 10

<210> 1795

<

211> 102

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1795

tccgtaatcg acgccttaca gtataagctg gagggaacca ccagattgac aaggaaacga 60

gggcttaagc ttgctactgc actatccctg agcaataaat tt 102

<210> 1796

<211> 34

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 1796

Ser Val Ile Asp Ala Leu Gln Tyr Lys Leu Glu Gly Thr Thr Arg Leu

1 5 10 15

Thr Arg Lys Arg Gly Leu Lys Leu Ala Thr Ala Leu Ser Leu Ser Asn

20 25 30

Lys Phe

<210> 1797

<211> 54

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1797

ctacggaagc tgcggaagcg gctactgctg cggaaacttc ggaaacggct actg 54

<210> 1798

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1798

Leu Arg Lys Leu Arg Lys Arg Leu Leu Leu Arg Lys Leu Arg Lys Arg

1 5 10 15

Leu Leu

<210> 1799

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1799

aagtttgaaa gacag 15

<210> 1800

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1800

Lys Phe Glu Arg Gln

1 5

<210> 1801

<211> 63

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1801

atgaaggaga ccgctgctgc aaagttcgag agacagcata tggatagctc cacaagcgcc 60

gca 63

<210> 1802

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 1802

Met Lys Glu Thr Ala Ala Ala Lys Phe Glu Arg Gln His Met Asp Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ser Ala Ala
20

<210> 1803

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1803

cagaaaatcc tggat 15

<210> 1804

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1804

Gln Lys Ile Leu Asp

1 5

<210> 1805

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1805

cagagattct tcgag 15

<210> 1806

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1806

Gln Arg Phe Phe Glu

1 5

<210> 1807

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1807

aagtttgaaa gacagcagaa aatcctggat cagagattct tcgag 45

<210> 1808

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1808

Lys Phe Glu Arg Gln Gln Lys Ile Leu Asp Gln Arg Phe Phe Glu
1 5 10 15

<210> 1809

<211> 3941

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1809

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcatgaagg agaccgctgc tgcaaagttc gagagacagc 1620

atatggatag ctccacaagc gccgcagcta gaccttgcat ccccaagagc ttcggctaca 1680

gcagcgtcgt gtgcgtgtgc aatgccacct actgcgacag cttcgaccct cctacctttc 1740

ctgctctggg caccttcagc agatacgaga gcaccagatc cggcagacgg atggaactga 1800

gcatgggacc catccaggcc aatcacacag gcactggcct gctgctgaca ctgcagcctg 1860

agcagaaatt ccagaaagtg aaaggcttcg gcggagccat gacagatgcc gccgctctga 1920

atatcctggc tctgtctcca ccagctcaga acctgctgct caagagctac ttcagcgagg 1980

aaggcatcgg ctacaacatc atcagagtgc ccatggccag ctgcgacttc agcatcagga 2040

cctacaccta cgccgacaca cccgacgatt tccagctgca caacttcagc ctgcctgaag 2100

aggacaccaa gctgaagatc cctctgatcc acagagccct gcagctggca caaagacccg 2160

tgtcactgct ggcctctcca tggacatctc ccacctggct gaaaacaaat ggcgccgtga 2220

atggcaaggg cagcctgaaa ggccaacctg gcgacatcta ccaccagacc tgggccagat 2280

acttcgtgaa gttcctggac gcctatgccg agcacaagct gcagttttgg gccgtgacag 2340

ccgagaacga accttctgct ggactgctga gcggctaccc ctttcagtgc ctgggcttta 2400

cacccgagca ccagcgggac tttatcgccc gtgatctggg acccacactg gccaatagca 2460

cccaccataa tgtgcggctg ctgatgctgg acgaccagag actgcttctg ccccactggg 2520

ctaaagtggt gctgacagat cctgaggccg ccaaatacgt gcacggaatc gccgtgcact 2580

ggtatctgga ctttctggcc cctgccaagg ccacactggg agagacacac agactgttcc 2640

ccaacaccat gctgttcgcc agcgaagcct gtgtgggcag caagttttgg gaacagagcg 2700

tgcggctcgg cagctgggat agaggcatgc agtacagcca cagcatcatc accaacctgc 2760

tgtaccacgt cgtcggctgg accgactgga atctggccct gaatcctgaa ggcggcccta 2820

actgggtccg aaacttcgtg gacagcccca tcatcgtgga catcaccaag gacaccttct 2880

acaagcagcc catgttctac cacctgggac acttcagcaa gttcatcccc gagggctctc 2940

agcgcgttgg actggtggct tcccagaaga acgatctgga cgccgtggct ctgatgcacc 3000

ctgatggatc tgctgtggtg gtggtcctga accgcagcag caaagatgtg cccctgacca 3060

tcaaggatcc cgccgtggga ttcctggaaa caatcagccc tggctactcc atccacacct 3120

acctgtggcg tagacagaga aagaggcgag agggcagagg aagtcttcta acatgcggtg 3180

acgtggagga gaatcccggc cctatgtacg ccctcttcct cctggccagc ctcctgggcg 3240

cggctctagc cgtgaaagag atgcccatgc agactctggt ccccgccaaa gtggcctcca 3300

agaatgtcat ccctgccctg gaactggtgg agcccattaa gaagcacgag gtcccagcaa 3360

agtctgatgt ttactgtgag gtgtgtgaat tcctggtgaa ggaggtgacc aagctgattg 3420

acaacaacaa gactgagaaa gaaatactcg acgcttttga caaaatgtgc tcgaagctgc 3480

cgaagtccct gtcggaagag tgccaggagg tggtggacac gtacggcagc tccatcctgt 3540

ccatcctgct ggaggaggtc agccctgagc tggtgtgcag catgctgcac ctctgctctg 3600

gctagtaact cgaggacggg gtgaactacg cctgaggatc cgatcttttt ccctctgcca 3660

aaaattatgg ggacatcatg aagccccttg agcatctgac ttctggctaa taaaggaaat 3720

ttattttcat tgcaatagtg tgttggaatt ttttgtgtct ctcactcggc ctaggtagat 3780

aagtagcatg gcgggttaat cattaactac aaggaacccc tagtgatgga gttggccact 3840

ccctctctgc gcgctcgctc gctcactgag gccgggcgac caaaggtcgc ccgacgcccg 3900

ggctttgccc gggcggcctc agtgagcgag cgagcgcgca g 3941

<210> 1810

<211> 3977

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1810

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcgctagac cttgcatccc caagagcttc ggctacagca 1620

gcgtcgtgtg cgtgtgcaat gccacctact gcgacagctt cgaccctcct acctttcctg 1680

ctctgggcac cttcagcaga tacgagagca ccagatccgg cagacggatg gaactgagca 1740

tgggacccat ccaggccaat cacacaggca ctggcctgct gctgacactg cagcctgagc 1800

agaaattcca gaaagtgaaa ggcttcggcg gagccatgac agatgccgcc gctctgaata 1860

tcctggctct gtctccacca gctcagaacc tgctgctcaa gagctacttc agcgaggaag 1920
gcatcggcta caacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcaggacct 1980
acacctacgc cgacacaccc gacgatttcc agctgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040
acaccaagct gaagatccct ctgatccaca gagccctgca gctggcacaa agacccgtgt 2100
cactgctggc ctctccatgg acatctccca cctggctgaa aacaaatggc gccgtgaatg 2160
gcaagggcag cctgaaaggc caacctggcg acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220
tcgtgaagtt cctggacgcc tatgccgagc acaagctgca gttttgggcc gtgacagccg 2280

agaacgaacc ttctgctgga ctgctgagcg gctacccctt tcagtgcctg ggctttacac 2340
ccgagcacca gcgggacttt atcgcccgtg atctgggacc cacactggcc aatagcaccc 2400
accataatgt gcggctgctg atgctggacg accagagact gcttctgccc cactgggcta 2460
aagtggtgct gacagatcct gaggccgcca aatacgtgca cggaatcgcc gtgcactggt 2520
atctggactt tctggcccct gccaaggcca cactgggaga gacacacaga ctgttcccca 2580
acaccatgct gttcgccagc gaagcctgtg tgggcagcaa gttttgggaa cagagcgtgc 2640
ggctcggcag ctgggataga ggcatgcagt acagccacag catcatcacc aacctgctgt 2700

accacgtcgt cggctggacc gactggaatc tggccctgaa tcctgaaggc ggccctaact 2760
gggtccgaaa cttcgtggac agccccatca tcgtggacat caccaaggac accttctaca 2820
agcagcccat gttctaccac ctgggacact tcagcaagtt catccccgag ggctctcagc 2880
gcgttggact ggtggcttcc cagaagaacg atctggacgc cgtggctctg atgcaccctg 2940
atggatctgc tgtggtggtg gtcctgaacc gcagcagcaa agatgtgccc ctgaccatca 3000
aggatcccgc cgtgggattc ctggaaacaa tcagccctgg ctactccatc cacacctacc 3060
tgtggcgtag acagggaggg gggggttcgg gtggcggcgg aagtgggggc ggtggttctc 3120

tacggaagct gcggaagcgg ctactgctgc ggaaacttcg gaaacggcta ctgagaaaga 3180
ggcgagaggg cagaggaagt cttctaacat gcggtgacgt ggaggagaat cccggcccta 3240
tgtacgccct cttcctcctg gccagcctcc tgggcgcggc tctagccgtg aaagagatgc 3300
ccatgcagac tctggtcccc gccaaagtgg cctccaagaa tgtcatccct gccctggaac 3360
tggtggagcc cattaagaag cacgaggtcc cagcaaagtc tgatgtttac tgtgaggtgt 3420
gtgaattcct ggtgaaggag gtgaccaagc tgattgacaa caacaagact gagaaagaaa 3480
tactcgacgc ttttgacaaa atgtgctcga agctgccgaa gtccctgtcg gaagagtgcc 3540

aggaggtggt ggacacgtac ggcagctcca tcctgtccat cctgctggag gaggtcagcc 3600

ctgagctggt gtgcagcatg ctgcacctct gctctggcta gtaactcgag gacggggtga 3660

actacgcctg aggatccgat ctttttccct ctgccaaaaa ttatggggac atcatgaagc 3720

cccttgagca tctgacttct ggctaataaa ggaaatttat tttcattgca atagtgtgtt 3780

ggaatttttt gtgtctctca ctcggcctag gtagataagt agcatggcgg gttaatcatt 3840

aactacaagg aacccctagt gatggagttg gccactccct ctctgcgcgc tcgctcgctc 3900

actgaggccg ggcgaccaaa ggtcgcccga cgcccgggct ttgcccgggc ggcctcagtg 3960

agcgagcgag cgcgcag 3977

<210> 1811

<211> 4040

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1811

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattcagcag ccccagcaga gaggaatgcc 1500

ccaagcctct gagccgggtg tcaatcatgg ccggatctct gacaggactg ctgctgcttc 1560

aggccgtgtc ttgggcttct ggcatgaagg agaccgctgc tgcaaagttc gagagacagc 1620

atatggatag ctccacaagc gccgcagcta gaccttgcat ccccaagagc ttcggctaca 1680

gcagcgtcgt gtgcgtgtgc aatgccacct actgcgacag cttcgaccct cctacctttc 1740

ctgctctggg caccttcagc agatacgaga gcaccagatc cggcagacgg atggaactga 1800

gcatgggacc catccaggcc aatcacacag gcactggcct gctgctgaca ctgcagcctg 1860

agcagaaatt ccagaaagtg aaaggcttcg gcggagccat gacagatgcc gccgctctga 1920

atatcctggc tctgtctcca ccagctcaga acctgctgct caagagctac ttcagcgagg 1980

aaggcatcgg ctacaacatc atcagagtgc ccatggccag ctgcgacttc agcatcagga 2040

cctacaccta cgccgacaca cccgacgatt tccagctgca caacttcagc ctgcctgaag 2100

aggacaccaa gctgaagatc cctctgatcc acagagccct gcagctggca caaagacccg 2160

tgtcactgct ggcctctcca tggacatctc ccacctggct gaaaacaaat ggcgccgtga 2220

atggcaaggg cagcctgaaa ggccaacctg gcgacatcta ccaccagacc tgggccagat 2280

acttcgtgaa gttcctggac gcctatgccg agcacaagct gcagttttgg gccgtgacag 2340

ccgagaacga accttctgct ggactgctga gcggctaccc ctttcagtgc ctgggcttta 2400

cacccgagca ccagcgggac tttatcgccc gtgatctggg acccacactg gccaatagca 2460

cccaccataa tgtgcggctg ctgatgctgg acgaccagag actgcttctg ccccactggg 2520

ctaaagtggt gctgacagat cctgaggccg ccaaatacgt gcacggaatc gccgtgcact 2580

ggtatctgga ctttctggcc cctgccaagg ccacactggg agagacacac agactgttcc 2640

ccaacaccat gctgttcgcc agcgaagcct gtgtgggcag caagttttgg gaacagagcg 2700

tgcggctcgg cagctgggat agaggcatgc agtacagcca cagcatcatc accaacctgc 2760

tgtaccacgt cgtcggctgg accgactgga atctggccct gaatcctgaa ggcggcccta 2820
actgggtccg aaacttcgtg gacagcccca tcatcgtgga catcaccaag gacaccttct 2880
acaagcagcc catgttctac cacctgggac acttcagcaa gttcatcccc gagggctctc 2940
agcgcgttgg actggtggct tcccagaaga acgatctgga cgccgtggct ctgatgcacc 3000
ctgatggatc tgctgtggtg gtggtcctga accgcagcag caaagatgtg cccctgacca 3060
tcaaggatcc cgccgtggga ttcctggaaa caatcagccc tggctactcc atccacacct 3120
acctgtggcg tagacaggga gggggggggtt cgggtggcgg cggaagtggg ggcggtggtt 3180

ctctacggaa gctgcggaag cggctactgc tgcggaaact tcggaaacgg ctactgagaa 3240
agaggcgaga gggcagagga agtcttctaa catgcggtga cgtggaggag aatcccggcc 3300
ctatgtacgc cctcttcctc ctggccagcc tcctgggcgc ggctctagcc gtgaaagaga 3360
tgcccatgca gactctggtc cccgccaaag tggcctccaa gaatgtcatc cctgccctgg 3420
aactggtgga gcccattaag aagcacgagg tcccagcaaa gtctgatgtt tactgtgagg 3480
tgtgtgaatt cctggtgaag gaggtgacca agctgattga caacaacaag actgagaaag 3540
aaatactcga cgcttttgac aaaatgtgct cgaagctgcc gaagtccctg tcggaagagt 3600

gccaggaggt ggtggacacg tacggcagct ccatcctgtc catcctgctg gaggaggtca 3660
gccctgagct ggtgtgcagc atgctgcacc tctgctctgg ctagtaactc gaggacgggg 3720
tgaactacgc ctgaggatcc gatctttttc cctctgccaa aaattatggg gacatcatga 3780
agccccttga gcatctgact tctggctaat aaaggaaatt tattttcatt gcaatagtgt 3840
gttggaattt tttgtgtctc tcactcggcc taggtagata agtagcatgg cgggttaatc 3900
attaactaca aggaacccct agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg 3960
ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca 4020

gtgagcgagc gagcgcgcag 4040

<210> 1812

<211> 3413

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1812

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattctctag cccatctaga gaggaatgtc 1500

ctaagcctct gtcaagagtg tccatcatgg ccggcagcct gacaggcctg ctgctgctgc 1560

aggccgtgtc ctgggccagt ggagcccggc cctgcatccc taagtccttc ggctattcta 1620

gcgtggtctg cgtgtgtaat gccacttact gcgacagctt cgaccctcct accttccccg 1680

cccttggaac attcagcaga tacgagagca ccagaagcgg cagaagaatg gaactgagca 1740

tgggcccaat ccaggccaac cacaccggca ccggcctgct gctgacactg caacctgagc 1800

agaagttcca gaaggtgaag ggatttggag gcgccatgac cgacgctgct gctctgaaca 1860

tcctggccct ctccccacct gctcagaacc tgctgcttaa aagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta taacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcagaacat 1980
acacctacgc cgatacacct gatgacttcc aactgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040
acacaaagct gaaaatcccc ctgatccacc gggccctgca gctggcccag agacctgtga 2100
gcctgctggc ctctccttgg acaagcccca cctggctgaa gaccaatgga gctgtgaacg 2160
gcaagggcag cctgaagggc cagcccggcg acatctacca ccaaacctgg gctcgctact 2220
tcgtgaaatt cctggacgcc tacgctgagc ataagctgca attttgggcc gttacagccg 2280
agaacgagcc ttctgccggc ctgctgtctg gatatccttt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340

ctgagcacca gagagacttt atcgccagag atctggggcc taccctggct aacagcacac 2400
accacaacgt gcggctgctg atgctggacg atcagaggct gctgctcccc cactgggcca 2460
aggtggtgct gacagatccg gaggccgcca aatacgtgca cggcatcgcc gtccactggt 2520
acctggattt cctggcccct gccaaggcca ccctgggcga gacacataga ctgtttccta 2580
ataccatgct gttcgccagc gaggcctgcg tgggcagcaa gttctgggaa cagagcgtgc 2640
ggctgggcag ctgggacaga ggaatgcagt acagccacag catcattacc aacctgctgt 2700
accacgtggt gggctggacc gactggaacc tggccctgaa ccccgaaggc ggccccaact 2760

gggtgcggaa cttcgtggac tctcctatca tcgtggatat taccaaggat acctttttaca 2820
agcagcctat gttctaccac ctgggccact tcagcaagtt catccctgag ggctctcagc 2880
gggtgggcct ggtggcctct cagaaaaacg acctggatgc cgttgccctg atgcaccccg 2940
acggcagcgc cgtggtggtc gtcctgaata gaagctccaa ggacgtgcct ctgaccatca 3000
aggaccccgc tgtgggattt ctggaaacca tcagccctgg ctacagcatc cacacctacc 3060
tgtggcggcg gcagtagtaa ctcgaggacg gggtgaacta cgcctgagga tccgatcttt 3120
ttccctctgc caaaaattat ggggacatca tgaagcccct tgagcatctg acttctggct 3180

aataaaggaa atttattttc attgcaatag tgtgttggaa ttttttgtgt ctctcactcg 3240
gcctaggtag ataagtagca tggcgggtta atcattaact acaaggaacc cctagtgatg 3300
gagttggcca ctccctctct gcgcgctcgc tcgctcactg aggccgggcg accaaaggtc 3360
gcccgacgcc cgggctttgc ccgggcggcc tcagtgagcg agcgagcgcg cag 3413

<210> 1813

<211> 3375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 1813

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacataa cgcgtgcatg cgtgaggctc cggtgcccgt 240

cagtgggcag agcgcacatc gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg ggtcggcaat 300

tgaaccggtg cctagagaag gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt cgtgtactgg 360

ctccgccttt ttcccgaggg tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt cgccgtgaac 420

gttctttttc gcaacgggtt tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg tggttcccgc 480

gggcctggcc tctttacggg ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc cacctggctg 540

cagtacgtga ttcttgatcc cgagcttcgg gttggaagtg ggtgggagag ttcgaggcct 600

tgcgcttaag gagccccttc gcctcgtgct tgagttgagg cctggcctgg gcgctggggc 660

cgccgcgtgc gaatctggtg gcaccttcgc gcctgtctcg ctgctttcga taagtctcta 720

gccatttaaa atttttgatg acctgctgcg acgcttttt tctggcaaga tagtcttgta 780

aatgcgggcc aagatctgca cactggtatt tcggtttttg gggccgcggg cggcgacggg 840

gcccgtgcgt cccagcgcac atgttcggcg aggcggggcc tgcgagcgcg gccaccgaga 900

atcggacggg ggtagtctca agctggccgg cctgctctgg tgcctggcct cgcgccgccg 960

tgtatcgccc cgccctgggc ggcaaggctg gcccggtcgg caccagttgc gtgagcggaa 1020

agatggccgc ttcccggccc tgctgcaggg agctcaaaat ggaggacgcg gcgctcggga 1080

gagcgggcgg gtgagtcacc cacacaaagg aaaagggcct ttccgtcctc agccgtcgct 1140

tcatgtgact ccacggagta ccgggcgccg tccaggcacc tcgattagtt ctcgagcttt 1200

tggagtacgt cgtctttagg ttgggggggag gggttttatg cgatggagtt tccccacact 1260

gagtgggtgg agactgaagt taggccagct tggcacttga tgtaattctc cttggaattt 1320

gccctttttg agtttggatc ttggttcatt ctcaagcctc agacagtggt tcaaagtttt 1380

tttcttccat ttcaggtgtc gtgagggatt cgaaccggtg ccgccaccat ggaattctct 1440

agcccatcta gagaggaatg tcctaagcct ctgtcaagag tgtccatcat ggccggcagc 1500

ctgacaggcc tgctgctgct gcaggccgtg tcctgggcca gtggagcccg gccctgcatc 1560

cctaagtcct tcggctattc tagcgtggtc tgcgtgtgta atgccactta ctgcgacagc 1620

ttcgaccctc ctaccttccc cgccccttgga acattcagca gatacgagag caccagaagc 1680

ggcagaagaa tggaactgag catgggccca atccaggcca accacaccgg caccggcctg 1740

ctgctgacac tgcaacctga gcagaagttc cagaaggtga agggatttgg aggcgccatg 1800

accgacgctg ctgctctgaa catcctggcc ctctccccac ctgctcagaa cctgctgctt 1860

aaaagctact tcagcgagga aggcatcggc tataacatca tcagagtgcc catggccagc 1920

tgcgacttca gcatcagaac atacacctac gccgatacac ctgatgactt ccaactgcac 1980

aacttcagcc tgcctgaaga ggacacaaag ctgaaaatcc ccctgatcca ccgggccctg 2040

cagctggccc agagacctgt gagcctgctg gcctctcctt ggacaagccc cacctggctg 2100

aagaccaatg gagctgtgaa cggcaagggc agcctgaagg gccagcccgg cgacatctac 2160

caccaaacct gggctcgcta cttcgtgaaa ttcctggacg cctacgctga gcataagctg 2220

caattttggg ccgttacagc cgagaacgag ccttctgccg gcctgctgtc tggatatcct 2280

ttccagtgcc tgggcttcac ccctgagcac cagagagact ttatcgccag agatctgggg 2340

cctaccctgg ctaacagcac acaccacaac gtgcggctgc tgatgctgga cgatcagagg 2400

ctgctgctcc cccactgggc caaggtggtg ctgacagatc cggaggccgc caaatacgtg 2460

cacggcatcg ccgtccactg gtacctggat ttcctggccc ctgccaaggc caccctgggc 2520

gagacacata gactgtttcc taataccatg ctgttcgcca gcgaggcctg cgtgggcagc 2580

aagttctggg aacagagcgt gcggctgggc agctgggaca gaggaatgca gtacagccac 2640

agcatcatta ccaacctgct gtaccacgtg gtgggctgga ccgactggaa cctggccctg 2700

aaccccgaag gcggccccaa ctgggtgcgg aacttcgtgg actctcctat catcgtggat 2760

attaccaagg atacctttta caagcagcct atgttctacc acctgggcca cttcagcaag 2820

ttcatccctg agggctctca gcgggtgggc ctggtggcct ctcagaaaaa cgacctggat 2880

gccgttgccc tgatgcaccc cgacggcagc gccgtggtgg tcgtcctgaa tagaagctcc 2940

aaggacgtgc ctctgaccat caaggacccc gctgtgggat ttctggaaac catcagccct 3000

ggctacagca tccacaccta cctgtggcgg cggcagtagt aactcgagga cggggtgaac 3060

tacgcctgag gatccgatct ttttccctct gccaaaaatt atggggacat catgaagccc 3120

cttgagcatc tgacttctgg ctaataaagg aaatttattt tcattgcaat agtgtgttgg 3180

aatttttgt gtctctcact cggcctaggt agataagtag catggcgggt taatcattaa 3240

ctacaaggaa cccctagtga tggagttggc cactccctct ctgcgcgctc gctcgctcac 3300

tgaggccggg cgaccaaagg tcgcccgacg cccgggcttt gcccgggcgg cctcagtgag 3360

cgagcgagcg cgcag 3375

<210> 1814

<211> 3360

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1814

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacataa cgcgtgttga cattgattat tgactagtta 240

ttaatagtaa tcaattacgg ggtcattagt tcatagccca tatatggagt tccgcgttac 300

ataacttacg gtaaatggcc cgcctggctg accgcccaac gacccccgcc cattgacgtc 360

aataatgacg tatgttccca tagtaacgcc aatagggact ttccattgac gtcaatgggt 420

ggagtattta cggtaaactg cccacttggc agtacatcaa gtgtatcata tgccaagtac 480

gccccctatt gacgtcaatg acggtaaatg gcccgcctgg cattatgccc agtacatgac 540

cttatgggac tttcctactt ggcagtacat ctacgtatta gtcatcgcta ttaccatggt 600

gatgcggttt tggcagtaca tcaatgggcg tggatagcgg tttgactcac ggggatttcc 660

aagtctccac cccattgacg tcaatgggag tttgttttgg caccaaaatc aacgggactt 720

tccaaaatgt cgtaacaact ccgccccatt gacgcaaatg ggcggtaggc gtgtacggtg 780

ggaggtctat ataagcagag ctcaagcttc gtttagtgaa ccgtcagatc gcctggagac 840

gccatccacg ctgttttgac ctccatagaa gacaccggga ccgatccagc ctccgcggat 900

tcgaatcccg gccgggaacg gtgcattgga acgcggattc cccgtgccaa gagtgacgta 960

agtaccgcct atagagtcta taggcccaca aaaaatgctt tcttctttta atatactttt 1020

ttgtttatct tatttctaat actttcccta atctctttct ttcagggcaa taatgataca 1080

atgtatcatg cctctttgca ccattctaaa gaataacagt gataatttct gggttaaggc 1140

aatagcaata tttctgcata taaatatttc tgcatataaa ttgtaactga tgtaagaggt 1200

ttcatattgc taatagcagc tacaatccag ctaccattct gcttttattt tatggttggg 1260

ataaggctgg attattctga gtccaagcta ggccctttg ctaatcatgt tcatacctct 1320

tatcttcctc ccacagctcc tgggcaacgt gctggtctgt gtgctggccc atcactttgg 1380

caaagaattg ggattcgaac cggtgccgcc accatggaat tctctagccc atctagagag 1440

gaatgtccta agcctctgtc aagagtgtcc atcatggccg gcagcctgac aggcctgctg 1500

ctgctgcagg ccgtgtcctg ggccagtgga gcccggccct gcatccctaa gtccttcggc 1560

tattctagcg tggtctgcgt gtgtaatgcc acttactgcg acagcttcga ccctcctacc 1620

ttccccgccc ttggaacatt cagcagatac gagagcacca gaagcggcag aagaatggaa 1680

ctgagcatgg gcccaatcca ggccaaccac accggcaccg gcctgctgct gacactgcaa 1740

cctgagcaga agttccagaa ggtgaaggga tttggaggcg ccatgaccga cgctgctgct 1800

ctgaacatcc tggccctctc cccacctgct cagaacctgc tgcttaaaag ctacttcagc 1860

gaggaaggca tcggctataa catcatcaga gtgcccatgg ccagctgcga cttcagcatc 1920

agaacataca cctacgccga tacacctgat gacttccaac tgcacaactt cagcctgcct 1980

gaagaggaca caaagctgaa aatccccctg atccaccggg ccctgcagct ggcccagaga 2040

cctgtgagcc tgctggcctc tccttggaca agccccacct ggctgaagac caatggagct 2100

gtgaacggca agggcagcct gaagggccag cccggcgaca tctaccacca aacctgggct 2160

cgctacttcg tgaaattcct ggacgcctac gctgagcata agctgcaatt ttgggccgtt 2220

acagccgaga acgagccttc tgccggcctg ctgtctggat atcctttcca gtgcctgggc 2280

ttcacccctg agcaccagag agactttatc gccagagatc tggggcctac cctggctaac 2340

agcacacacc acaacgtgcg gctgctgatg ctggacgatc agaggctgct gctcccccac 2400

tgggccaagg tggtgctgac agatccggag gccgccaaat acgtgcacgg catcgccgtc 2460

cactggtacc tggatttcct ggcccctgcc aaggccaccc tgggcgagac acatagactg 2520

tttcctaata ccatgctgtt cgccagcgag gcctgcgtgg gcagcaagtt ctgggaacag 2580

agcgtgcggc tgggcagctg ggacagagga atgcagtaca gccacagcat cattaccaac 2640

ctgctgtacc acgtggtggg ctggaccgac tggaacctgg ccctgaaccc cgaaggcggc 2700

cccaactggg tgcggaactt cgtggactct cctatcatcg tggatattac caaggatacc 2760

ttttacaagc agcctatgtt ctaccacctg ggccacttca gcaagttcat ccctgagggc 2820

tctcagcggg tgggcctggt ggcctctcag aaaaacgacc tggatgccgt tgccctgatg 2880

caccccgacg gcagcgccgt ggtggtcgtc ctgaatagaa gctccaagga cgtgcctctg 2940

accatcaagg accccgctgt gggatttctg gaaaccatca gccctggcta cagcatccac 3000

acctacctgt ggcggcggca gtagtaactc gaggacgggg tgaactacgc ctgaggatcc 3060

gatctttttc cctctgccaa aaattatggg gacatcatga agcccccttga gcatctgact 3120

tctggctaat aaaggaaatt tattttcatt gcaatagtgt gttggaattt tttgtgtctc 3180

tcactcggcc taggtagata agtagcatgg cgggttaatc attaactaca aggaacccct 3240

agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc 3300

aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag 3360

<210> 1815

<211> 3901

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1815

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacataa cgcgtctagt tattaatagt aatcaattac 240

ggggtcatta gttcatagcc catatatgga gttccgcgtt acataactta cggtaaatgg 300

cccgcctggc tgaccgccca acgacccccg cccattgacg tcaataatga cgtatgttcc 360

catagtaacg ccaataggga ctttccattg acgtcaatgg gtggagtatt tacggtaaac 420

tgcccacttg gcagtacatc aagtgtatca tatgccaagt acgcccccta ttgacgtcaa 480

tgacggtaaa tggcccgcct ggcattatgc ccagtacatg accttatggg actttcctac 540

ttggcagtac atctacgtat tagtcatcgc tattaccatg gtcgaggtga gccccacgtt 600

ctgcttcact ctccccatct cccccccctc cccaccccca attttgtatt tatttatttt 660

ttaattattt tgtgcagcga tgggggcggg gggggggggg gggcgcgcgc caggcggggc 720

ggggcggggc gaggggcggg gcggggcgag gcggagaggt gcggcggcag ccaatcagag 780

cggcgcgctc cgaaagtttc cttttatggc gaggcggcgg cggcggcggc cctataaaaa 840

gcgaagcgcg cggcgggcgg gagtcgctgc gcgctgcctt cgccccgtgc cccgctccgc 900

cgccgcctcg cgccgcccgc cccggctctg actgaccgcg ttactcccac aggtgagcgg 960

gcgggacggc ccttctcctc cgggctgtaa ttagcgcttg gtttaatgac ggcttgtttc 1020

ttttctgtgg ctgcgtgaaa gccttgaggg gctccgggag ggccctttgt gcgggggggag 1080

cggctcgggg ggtgcgtgcg tgtgtgtgtg cgtggggagc gccgcgtgcg gctccgcgct 1140

gcccggcggc tgtgagcgct gcgggcgcgg cgcggggctt tgtgcgctcc gcagtgtgcg 1200

cgaggggagc gcggccgggg gcggtgcccc gcggtgcggg gggggctgcg aggggaacaa 1260

aggctgcgtg cggggtgtgt gcgtgggggg gtgagcaggg ggtgtgggcg cgtcggtcgg 1320

gctgcaaccc cccctgcacc cccctccccg agttgctgag cacggcccgg cttcgggtgc 1380

ggggctccgt acggggcgtg gcgcggggct cgccgtgccg ggcgggggggt ggcggcaggt 1440

gggggtgccg ggcggggcgg ggccgcctcg ggccggggag ggctcggggg aggggcgcgg 1500

cggccccggg agcgccggcg gctgtcgagg cgcggcgagc cgcagccatt gccttttatg 1560

gtaatcgtgc gagagggcgc agggacttcc tttgtcccaa atctgtgcgg agccgaaatc 1620

tgggaggcgc cgccgcaccc cctctagcgg gcgcggggcg aagcggtgcg gcgccggcag 1680

gaaggaaatg ggcggggagg gccttcgtgc gtcgccgcgc cgccgtcccc ttctccctct 1740

ccagcctcgg ggctgtccgc ggggggacgg ctgccttcgg gggggacggg gcagggcggg 1800

gttcggcttc tggcgtgtga ccggcggctc tagagcctct gctaaccatg ttcatgcctt 1860

cttctttttc ctacagctcc tgggcaacgt gctggttatt gtgctgtctc atcattttgg 1920

caaagaattc gggattcgaa ccggtgccgc caccatggaa ttctctagcc catctagaga 1980

ggaatgtcct aagcctctgt caagagtgtc catcatggcc ggcagcctga caggcctgct 2040

gctgctgcag gccgtgtcct gggccagtgg agcccggccc tgcatcccta agtccttcgg 2100

ctattctagc gtggtctgcg tgtgtaatgc cacttactgc gacagcttcg accctcctac 2160

cttccccgcc cttggaacat tcagcagata cgagagcacc agaagcggca gaagaatgga 2220

actgagcatg ggcccaatcc aggccaacca caccggcacc ggcctgctgc tgacactgca 2280

acctgagcag aagttccaga aggtgaaggg atttggaggc gccatgaccg acgctgctgc 2340

tctgaacatc ctggccctct ccccacctgc tcagaacctg ctgcttaaaa gctacttcag 2400

cgaggaaggc atcggctata acatcatcag agtgcccatg gccagctgcg acttcagcat 2460

cagaacatac acctacgccg atacacctga tgacttccaa ctgcacaact tcagcctgcc 2520

tgaagaggac acaaagctga aaatcccccct gatccaccgg gccctgcagc tggcccagag 2580

acctgtgagc ctgctggcct ctccttggac aagccccacc tggctgaaga ccaatggagc 2640

tgtgaacggc aagggcagcc tgaagggcca gcccggcgac atctaccacc aaacctgggc 2700

tcgctacttc gtgaaattcc tggacgccta cgctgagcat aagctgcaat tttgggccgt 2760

tacagccgag aacgagcctt ctgccggcct gctgtctgga tatcctttcc agtgcctggg 2820

cttcacccct gagcaccaga gagactttat cgccagagat ctggggccta ccctggctaa 2880

cagcacacac cacaacgtgc ggctgctgat gctggacgat cagaggctgc tgctccccca 2940

ctgggccaag gtggtgctga cagatccgga ggccgccaaa tacgtgcacg gcatcgccgt 3000

ccactggtac ctggatttcc tggcccctgc caaggccacc ctgggcgaga cacatagact 3060

gtttcctaat accatgctgt tcgccagcga ggcctgcgtg ggcagcaagt tctgggaaca 3120

gagcgtgcgg ctgggcagct gggacagagg aatgcagtac agccacagca tcattaccaa 3180
cctgctgtac cacgtggtgg gctggaccga ctggaacctg gccctgaacc ccgaaggcgg 3240
ccccaactgg gtgcggaact tcgtggactc tcctatcatc gtggatatta ccaaggatac 3300
cttttacaag cagcctatgt tctaccacct gggccacttc agcaagttca tccctgaggg 3360
ctctcagcgg gtgggcctgg tggcctctca gaaaaacgac ctggatgccg ttgccctgat 3420
gcaccccgac ggcagcgccg tggtggtcgt cctgaataga agctccaagg acgtgcctct 3480
gaccatcaag gaccccgctg tgggatttct ggaaaccatc agccctggct acagcatcca 3540

cacctacctg tggcggcggc agtagtaact cgaggacggg gtgaactacg cctgaggatc 3600
cgatcttttt ccctctgcca aaaattatgg ggacatcatg aagccccttg agcatctgac 3660
ttctggctaa taaaggaaat ttattttcat tgcaatagtg tgttggaatt ttttgtgtct 3720
ctcactcggc ctaggtagat aagtagcatg gcgggttaat cattaactac aaggaacccc 3780
tagtgatgga gttggccact ccctctctgc gcgctcgctc gctcactgag gccgggcgac 3840
caaaggtcgc ccgacgcccg ggctttgccc gggcggcctc agtgagcgag cgagcgcgca 3900
g 3901

<210> 1816
<211> 3413
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1816
ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60
ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120
aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180
atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240
tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360
tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420
aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg agttttcaag tccttccaga gaggaatgtc 1500

ccaagccttt gagtagggta agcatcatgg ctggcagcct cacaggattg cttctacttc 1560

aggcagtgtc gtgggcatca ggtgcccgcc cctgcatccc taaaagcttc ggctacagct 1620

cggtggtgtg tgtctgcaat gccacatact gtgactcctt tgacccccg acctttcctg 1680

cccttggtac cttcagccgc tatgagagta cacgcagtgg gcgacggatg gagctgagta 1740

tggggcccat ccaggctaat cacacgggca caggcctgct actgaccctg cagccagaac 1800

agaagttcca gaaagtgaag ggatttggag gggccatgac agatgctgct gctctcaaca 1860

tccttgccct gtcacccccc gcccaaaatt tgctacttaa atcgtacttc tctgaagaag 1920

gaatcggata taacatcatc cgggtaccca tggccagctg tgacttctcc atccgcacct 1980

acacctatgc agacacccct gatgatttcc agttgcacaa cttcagcctc ccagaggaag 2040

ataccaagct caagataccc ctgattcacc gagccctgca gttggcccag cgtcccgttt 2100

cactccttgc cagcccctgg acatcaccca cttggctcaa gaccaatgga gcggtgaatg 2160

ggaaggggtc actcaaggga cagcccggag acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

ttgtgaagtt cctggatgcc tatgctgagc acaagttaca gttctgggca gtgacagctg 2280

aaaatgagcc ttctgctggg ctgttgagtg gataccccctt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340

ctgaacatca gcgagacttc attgcccgtg acctaggtcc taccctcgcc aacagtactc 2400

accacaatgt ccgcctactc atgctggatg accaacgctt gctgctgccc cactgggcaa 2460
aggtggtact gacagaccca gaagcagcta aatatgttca tggcattgct gtacattggt 2520
acctggactt tctggctcca gccaaagcca ccctagggga gacacaccgc ctgttcccca 2580
acaccatgct ctttgcctca gaggcctgtg tgggctccaa gttctgggag cagagtgtgc 2640
ggctaggctc ctgggatcga gggatgcagt acagccacag catcatcacg aacctcctgt 2700
accatgtggt cggctggacc gactggaacc ttgccctgaa ccccgaagga ggacccaatt 2760
gggtgcgtaa ctttgtcgac agtcccatca ttgtagacat caccaaggac acgttttaca 2820

aacagcccat gttctaccac cttggccact tcagcaagtt cattcctgag ggctcccaga 2880
gagtggggct ggttgccagt cagaagaacg acctggacgc agtggcactg atgcatcccg 2940
atggctctgc tgttgtggtc gtgctaaacc gctcctctaa ggatgtgcct cttaccatca 3000
aggatcctgc tgtgggcttc ctggagacaa tctcacctgg ctactccatt cacacctacc 3060
tgtggcgtcg ccagtagtaa ctcgaggacg gggtgaacta cgcctgagga tccgatcttt 3120
ttccctctgc caaaaattat ggggacatca tgaagcccct tgagcatctg acttctggct 3180
aataaaggaa atttattttc attgcaatag tgtgttggaa ttttttgtgt ctctcactcg 3240

gcctaggtag ataagtagca tggcgggtta atcattaact acaaggaacc cctagtgatg 3300
gagttggcca ctccctctct gcgcgctcgc tcgctcactg aggccgggcg accaaaggtc 3360
gcccgacgcc cgggctttgc ccgggcggcc tcagtgagcg agcgagcgcg cag 3413

<210> 1817
<211> 3878
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1817

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60
ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct gtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180
atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240
tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg agttttcaag tccttccaga gaggaatgtc 1500

ccaagccttt gagtagggta agcatcatgg ctggcagcct cacaggattg cttctacttc 1560

aggcagtgtc gtgggcatca ggtgcccgcc cctgcatccc taaaagcttc ggctacagct 1620

cggtggtgtg tgtctgcaat gccacatact gtgactcctt tgacccccg acctttcctg 1680

cccttggtac cttcagccgc tatgagagta cacgcagtgg gcgacggatg gagctgagta 1740

tggggcccat ccaggctaat cacacgggca caggcctgct actgaccctg cagccagaac 1800

agaagttcca gaaagtgaag ggatttggag gggccatgac agatgctgct gctctcaaca 1860

tccttgccct gtcacccccct gcccaaaatt tgctacttaa atcgtacttc tctgaagaag 1920

gaatcggata taacatcatc cgggtaccca tggccagctg tgacttctcc atccgcacct 1980

acacctatgc agacacccct gatgatttcc agttgcacaa cttcagcctc ccagaggaag 2040

ataccaagct caagataccc ctgattcacc gagccctgca gttggcccag cgtcccgttt 2100

cactccttgc cagcccctgg acatcaccca cttggctcaa gaccaatgga gcggtgaatg 2160

ggaaggggtc actcaaggga cagcccggag acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

ttgtgaagtt cctggatgcc tatgctgagc acaagttaca gttctgggca gtgacagctg 2280
aaaatgagcc ttctgctggg ctgttgagtg gataccccct ccagtgcctg ggcttcaccc 2340
ctgaacatca gcgagacttc attgcccgtg acctaggtcc taccctcgcc aacagtactc 2400
accacaatgt ccgcctactc atgctggatg accaacgctt gctgctgccc cactgggcaa 2460
aggtggtact gacagaccca gaagcagcta aatatgttca tggcattgct gtacattggt 2520
acctggactt tctggctcca gccaaagcca ccctagggga gacacaccgc ctgttcccca 2580
acaccatgct ctttgcctca gaggcctgtg tgggctccaa gttctgggag cagagtgtgc 2640

ggctaggctc ctgggatcga gggatgcagt acagccacag catcatcacg aacctcctgt 2700
accatgtggt cggctggacc gactggaacc ttgccctgaa ccccgaagga ggacccaatt 2760
gggtgcgtaa ctttgtcgac agtcccatca ttgtagacat caccaaggac acgttttaca 2820
aacagcccat gttctaccac cttggccact tcagcaagtt cattcctgag ggctcccaga 2880
gagtggggct ggttgccagt cagaagaacg acctggacgc agtggcactg atgcatcccg 2940
atggctctgc tgttgtggtc gtgctaaacc gctcctctaa ggatgtgcct cttaccatca 3000
aggatcctgc tgtgggcttc ctggagacaa tctcacctgg ctactccatt cacacctacc 3060

tgtggcgtcg ccagagaaag aggcgagagg gcagaggaag tcttctaaca tgcggtgacg 3120
tggaggagaa tcccggccct atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc ctgggcgcgg 3180
ctctagccgt gaaagagatg cccatgcaga ctctggtccc cgccaaagtg gcctccaaga 3240
atgtcatccc tgccctggaa ctggtggagc ccattaagaa gcacgaggtc ccagcaaagt 3300
ctgatgttta ctgtgaggtg tgtgaattcc tggtgaagga ggtgaccaag ctgattgaca 3360
acaacaagac tgagaaagaa atactcgacg cttttgacaa aatgtgctcg aagctgccga 3420
agtccctgtc ggaagagtgc caggaggtgg tggacacgta cggcagctcc atcctgtcca 3480

tcctgctgga ggaggtcagc cctgagctgg tgtgcagcat gctgcacctc tgctctggct 3540
agtaactcga ggacggggtg aactacgcct gaggatccga tctttttccc tctgccaaaa 3600
attatgggga catcatgaag ccccttgagc atctgacttc tggctaataa aggaaattta 3660
ttttcattgc aatagtgtgt tggaattttt tgtgtctctc actcggccta ggtagataag 3720
tagcatggcg ggttaatcat taactacaag gaacccctag tgatggagtt ggccactccc 3780
tctctgcgcg ctcgctcgct cactgaggcc gggcgaccaa aggtcgcccg acgcccgggc 3840
tttgcccggg cggcctcagt gagcgagcga gcgcgcag 3878

<210> 1818

<211> 3512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1818

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg agttttcaag tccttccaga gaggaatgtc 1500

ccaagccttt gagtagggta agcatcatgg ctggcagcct cacaggattg cttctacttc 1560

aggcagtgtc gtgggcatca ggtgcccgcc cctgcatccc taaaagcttc ggctacagct 1620

cggtggtgtg tgtctgcaat gccacatact gtgactcctt tgacccccg acctttcctg 1680

cccttggtac cttcagccgc tatgagagta cacgcagtgg gcgacggatg gagctgagta 1740

tggggcccat ccaggctaat cacacgggca caggcctgct actgaccctg cagccagaac 1800

agaagttcca gaaagtgaag ggatttggag gggccatgac agatgctgct gctctcaaca 1860

tccttgccct gtcacccccc gcccaaaatt tgctacttaa atcgtacttc tctgaagaag 1920

gaatcggata taacatcatc cgggtaccca tggccagctg tgacttctcc atccgcacct 1980

acacctatgc agacacccct gatgatttcc agttgcacaa cttcagcctc ccagaggaag 2040

ataccaagct caagataccc ctgattcacc gagccctgca gttggcccag cgtcccgttt 2100

cactccttgc cagcccctgg acatcaccca cttggctcaa gaccaatgga gcggtgaatg 2160

ggaaggggtc actcaaggga cagcccggag acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

ttgtgaagtt cctggatgcc tatgctgagc acaagttaca gttctgggca gtgacagctg 2280

aaaatgagcc ttctgctggg ctgttgagtg gataccccct ccagtgcctg ggcttcaccc 2340

ctgaacatca gcgagacttc attgcccgtg acctaggtcc taccctcgcc aacagtactc 2400

accacaatgt ccgcctactc atgctggatg accaacgctt gctgctgccc cactgggcaa 2460

aggtggtact gacagaccca gaagcagcta aatatgttca tggcattgct gtacattggt 2520

acctggactt tctggctcca gccaaagcca ccctagggga gacacaccgc ctgttcccca 2580

acaccatgct ctttgcctca gaggcctgtg tgggctccaa gttctgggag cagagtgtgc 2640

ggctaggctc ctgggatcga gggatgcagt acagccacag catcatcacg aacctcctgt 2700

accatgtggt cggctggacc gactggaacc ttgccctgaa ccccgaagga ggacccaatt 2760

gggtgcgtaa ctttgtcgac agtcccatca ttgtagacat caccaaggac acgttttaca 2820

aacagcccat gttctaccac cttggccact tcagcaagtt cattcctgag ggctcccaga 2880

gagtggggct ggttgccagt cagaagaacg acctggacgc agtggcactg atgcatcccg 2940

atggctctgc tgttgtggtc gtgctaaacc gctcctctaa ggatgtgcct cttaccatca 3000

aggatcctgc tgtgggcttc ctggagacaa tctcacctgg ctactccatt cacacctacc 3060

tgtggcgtcg ccagggaggg gggggttcgg gtggcggcgg aagtgggggc ggtggttctc 3120

tacggaagct gcggaagcgg ctactgctgc ggaaacttcg gaaacggcta ctgtagtaac 3180

tcgaggacgg ggtgaactac gcctgaggat ccgatctttt tccctctgcc aaaaattatg 3240

gggacatcat gaagcccctt gagcatctga cttctggcta ataaaggaaa tttattttca 3300

ttgcaatagt gtgttggaat tttttgtgtc tctcactcgg cctaggtaga taagtagcat 3360

ggcgggttaa tcattaacta caaggaaccc ctagtgatgg agttggccac tccctctctg 3420

cgcgctcgct cgctcactga ggccgggcga ccaaaggtcg cccgacgccc gggctttgcc 3480

cgggcggcct cagtgagcga gcgagcgcgc ag 3512

<210> 1819

<211> 3476

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1819

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg agttttcaag tccttccaga gaggaatgtc 1500

ccaagccttt gagtagggta agcatcatgg ctggcagcct cacaggattg cttctacttc 1560

aggcagtgtc gtgggcatca ggtatgaagg agaccgctgc tgcaaagttc gagagacagc 1620

atatggatag ctccacaagc gccgcagccc gcccctgcat ccctaaaagc ttcggctaca 1680

gctcggtggt gtgtgtctgc aatgccacat actgtgactc ctttgacccc ccgacctttc 1740

ctgcccttgg taccttcagc cgctatgaga gtacacgcag tgggcgacgg atggagctga 1800

gtatggggcc catccaggct aatcacacgg gcacaggcct gctactgacc ctgcagccag 1860

aacagaagtt ccagaaagtg aagggatttg gaggggccat gacagatgct gctgctctca 1920

acatccttgc cctgtcaccc cctgcccaaa atttgctact taaatcgtac ttctctgaag 1980

aaggaatcgg atataacatc atccgggtac ccatggccag ctgtgacttc tccatccgca 2040

cctacaccta tgcagacacc cctgatgatt tccagttgca caacttcagc ctcccagagg 2100

aagataccaa gctcaagata cccctgattc accgagccct gcagttggcc cagcgtcccg 2160

tttcactcct tgccagcccc tggacatcac ccacttggct caagaccaat ggagcggtga 2220

atgggaaggg gtcactcaag ggacagcccg gagacatcta ccaccagacc tgggccagat 2280

actttgtgaa gttcctggat gcctatgctg agcacaagtt acagttctgg gcagtgacag 2340

ctgaaaatga gccttctgct gggctgttga gtggataccc cttccagtgc ctgggcttca 2400

cccctgaaca tcagcgagac ttcattgccc gtgacctagg tcctaccctc gccaacagta 2460

ctcaccacaa tgtccgccta ctcatgctgg atgaccaacg cttgctgctg ccccactggg 2520

caaaggtggt actgacagac ccagaagcag ctaaatatgt tcatggcatt gctgtacatt 2580

ggtacctgga ctttctggct ccagccaaag ccaccctagg ggagacacac cgcctgttcc 2640

ccaacaccat gctctttgcc tcagaggcct gtgtgggctc caagttctgg gagcagagtg 2700

tgcggctagg ctcctgggat cgagggatgc agtacagcca cagcatcatc acgaacctcc 2760

tgtaccatgt ggtcggctgg accgactgga accttgccct gaaccccgaa ggaggaccca 2820

attgggtgcg taactttgtc gacagtccca tcattgtaga catcaccaag gacacgtttt 2880

acaaacagcc catgttctac caccttggcc acttcagcaa gttcattcct gagggctccc 2940

agagagtggg gctggttgcc agtcagaaga acgacctgga cgcagtggca ctgatgcatc 3000

ccgatggctc tgctgttgtg gtcgtgctaa accgctcctc taaggatgtg cctcttacca 3060

tcaaggatcc tgctgtgggc ttcctggaga caatctcacc tggctactcc attcacacct 3120

acctgtggcg tcgccagtag taactcgagg acggggtgaa ctacgcctga ggatccgatc 3180

tttttccctc tgccaaaaat tatggggaca tcatgaagcc ccttgagcat ctgacttctg 3240

gctaataaag gaaatttatt ttcattgcaa tagtgtgttg gaatttttttg tgtctctcac 3300

tcggcctagg tagataagta gcatggcggg ttaatcatta actacaagga acccctagtg 3360

atggagttgg ccactccctc tctgcgcgct cgctcgctca ctgaggccgg gcgaccaaag 3420

gtcgcccgac gcccgggctt tgcccgggcg gcctcagtga gcgagcgagc gcgcag 3476

<210> 1820

<211> 3428

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1820

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg agttttcaag tccttccaga gaggaatgtc 1500

ccaagccttt gagtagggta agcatcatgg ctggcagcct cacaggattg cttctacttc 1560

aggcagtgtc gtgggcatca ggtgcccgcc cctgcatccc taaaagcttc ggctacagct 1620

cggtggtgtg tgtctgcaat gccacatact gtgactcctt tgaccccccg acctttcctg 1680

cccttggtac cttcagccgc tatgagagta cacgcagtgg gcgacggatg gagctgagta 1740

tggggcccat ccaggctaat cacacgggca caggcctgct actgaccctg cagccagaac 1800

agaagttcca gaaagtgaag ggatttggag gggccatgac agatgctgct gctctcaaca 1860

tccttgccct gtcacccccct gcccaaaatt tgctacttaa atcgtacttc tctgaagaag 1920

gaatcggata taacatcatc cgggtaccca tggccagctg tgacttctcc atccgcacct 1980

acacctatgc agacacccct gatgatttcc agttgcacaa cttcagcctc ccagaggaag 2040

ataccaagct caagataccc ctgattcacc gagccctgca gttggcccag cgtcccgttt 2100

cactccttgc cagcccctgg acatcaccca cttggctcaa gaccaatgga gcggtgaatg 2160

ggaaggggtc actcaaggga cagcccggag acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

ttgtgaagtt cctggatgcc tatgctgagc acaagttaca gttctgggca gtgacagctg 2280

aaaatgagcc ttctgctggg ctgttgagtg gataccccctt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340

ctgaacatca gcgagacttc attgcccgtg acctaggtcc taccctcgcc aacagtactc 2400

accacaatgt ccgcctactc atgctggatg accaacgctt gctgctgccc cactgggcaa 2460

aggtggtact gacagaccca gaagcagcta aatatgttca tggcattgct gtacattggt 2520

acctggactt tctggctcca gccaaagcca ccctagggga gacacaccgc ctgttcccca 2580

acaccatgct ctttgcctca gaggcctgtg tgggctccaa gttctgggag cagagtgtgc 2640

ggctaggctc ctgggatcga gggatgcagt acagccacag catcatcacg aacctcctgt 2700

accatgtggt cggctggacc gactggaacc ttgccctgaa ccccgaagga ggacccaatt 2760
gggtgcgtaa ctttgtcgac agtcccatca ttgtagacat caccaaggac acgttttaca 2820
aacagcccat gttctaccac cttggccact tcagcaagtt cattcctgag ggctcccaga 2880
gagtggggct ggttgccagt cagaagaacg acctggacgc agtggcactg atgcatcccg 2940
atggctctgc tgttgtggtc gtgctaaacc gctcctctaa ggatgtgcct cttaccatca 3000
aggatcctgc tgtgggcttc ctggagacaa tctcacctgg ctactccatt cacacctacc 3060
tgtggcgtcg ccagcagaga ttcttcgagt agtaactcga ggacggggtg aactacgcct 3120

gaggatccga tctttttccc tctgccaaaa attatgggga catcatgaag ccccttgagc 3180
atctgacttc tggctaataa aggaaattta ttttcattgc aatagtgtgt tggaattttt 3240
tgtgtctctc actcggccta ggtagataag tagcatggcg ggttaatcat taactacaag 3300
gaaccctag tgatggagtt ggccactccc tctctgcgcg ctcgctcgct cactgaggcc 3360
gggcgaccaa aggtcgcccg acgcccgggc tttgcccggg cggcctcagt gagcgagcga 3420
gcgcgcag 3428

<210> 1821
<211> 3375
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1821

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60
ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120
aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180
atcctctaga actatagcta gtcgacataa cgcgtgcatg cgtgaggctc cggtgcccgt 240
cagtgggcag agcgcacatc gcccacagtc cccgagaagt tgggggggagg ggtcggcaat 300
tgaaccggtg cctagagaag gtggcgcggg gtaaactggg aaagtgatgt cgtgtactgg 360

ctccgccttt ttcccgaggg tgggggagaa ccgtatataa gtgcagtagt cgccgtgaac 420
gttcttttttc gcaacgggtt tgccgccaga acacaggtaa gtgccgtgtg tggttcccgc 480
gggcctggcc tctttacggg ttatggccct tgcgtgcctt gaattacttc cacctggctg 540

cagtacgtga ttcttgatcc cgagcttcgg gttggaagtg ggtgggagag ttcgaggcct 600

tgcgcttaag gagccccttc gcctcgtgct tgagttgagg cctggcctgg gcgctggggc 660

cgccgcgtgc gaatctggtg gcaccttcgc gcctgtctcg ctgctttcga taagtctcta 720

gccatttaaa atttttgatg acctgctgcg acgctttttt tctggcaaga tagtcttgta 780

aatgcgggcc aagatctgca cactggtatt tcggtttttg gggccgcggg cggcgacggg 840

gcccgtgcgt cccagcgcac atgttcggcg aggcggggcc tgcgagcgcg gccaccgaga 900

atcggacggg ggtagtctca agctggccgg cctgctctgg tgcctggcct cgcgccgccg 960

tgtatcgccc cgccctgggc ggcaaggctg gcccggtcgg caccagttgc gtgagcggaa 1020

agatggccgc ttcccggccc tgctgcaggg agctcaaaat ggaggacgcg gcgctcggga 1080

gagcgggcgg gtgagtcacc cacacaaagg aaaagggcct ttccgtcctc agccgtcgct 1140

tcatgtgact ccacggagta ccgggcgccg tccaggcacc tcgattagtt ctcgagcttt 1200

tggagtacgt cgtctttagg ttgggggggag gggttttatg cgatggagtt tccccacact 1260

gagtgggtgg agactgaagt taggccagct tggcacttga tgtaattctc cttggaattt 1320

gccctttttg agtttggatc ttggttcatt ctcaagcctc agacagtggt tcaaagtttt 1380

tttcttccat ttcaggtgtc gtgagggatt cgaaccggtg ccgccaccat ggagttttca 1440

agtccttcca gagaggaatg tcccaagcct ttgagtaggg taagcatcat ggctggcagc 1500

ctcacaggat tgcttctact tcaggcagtg tcgtgggcat caggtgcccg cccctgcatc 1560

cctaaaagct tcggctacag ctcggtggtg tgtgtctgca atgccacata ctgtgactcc 1620

tttgaccccc cgacctttcc tgcccttggt accttcagcc gctatgagag tacacgcagt 1680

gggcgacgga tggagctgag tatggggccc atccaggcta atcacacggg cacaggcctg 1740

ctactgaccc tgcagccaga acagaagttc cagaaagtga agggatttgg aggggccatg 1800

acagatgctg ctgctctcaa catccttgcc ctgtcacccc ctgcccaaaa tttgctactt 1860

aaatcgtact tctctgaaga aggaatcgga tataacatca tccgggtacc catggccagc 1920

tgtgacttct ccatccgcac ctacacctat gcagacaccc ctgatgattt ccagttgcac 1980

aacttcagcc tcccagagga agataccaag ctcaagatac ccctgattca ccgagccctg 2040

cagttggccc agcgtcccgt ttcactcctt gccagcccct ggacatcacc cacttggctc 2100

aagaccaatg gagcggtgaa tgggaagggg tcactcaagg gacagcccgg agacatctac 2160

caccagacct gggccagata ctttgtgaag ttcctggatg cctatgctga gcacaagtta 2220

cagttctggg cagtgacagc tgaaaatgag ccttctgctg ggctgttgag tggatacccc 2280

ttccagtgcc tgggcttcac ccctgaacat cagcgagact tcattgcccg tgacctaggt 2340

cctaccctcg ccaacagtac tcaccacaat gtccgcctac tcatgctgga tgaccaacgc 2400

ttgctgctgc cccactgggc aaaggtggta ctgacagacc cagaagcagc taaatatgtt 2460

catggcattg ctgtacattg gtacctggac tttctggctc cagccaaagc caccctaggg 2520

gagacacacc gcctgttccc caacaccatg ctctttgcct cagaggcctg tgtgggctcc 2580

aagttctggg agcagagtgt gcggctaggc tcctgggatc gagggatgca gtacagccac 2640

agcatcatca cgaacctcct gtaccatgtg gtcggctgga ccgactggaa ccttgccctg 2700

aaccccgaag gaggacccaa ttgggtgcgt aactttgtcg acagtcccat cattgtagac 2760

atcaccaagg acacgtttta caaacagccc atgttctacc accttggcca cttcagcaag 2820

ttcattcctg agggctccca gagagtgggg ctggttgcca gtcagaagaa cgacctggac 2880

gcagtggcac tgatgcatcc cgatggctct gctgttgtgg tcgtgctaaa ccgctcctct 2940

aaggatgtgc ctcttaccat caaggatcct gctgtgggct tcctggagac aatctcacct 3000

ggctactcca ttcacaccta cctgtggcgt cgccagtagt aactcgagga cggggtgaac 3060

tacgcctgag gatccgatct ttttccctct gccaaaaatt atggggacat catgaagccc 3120

cttgagcatc tgacttctgg ctaataaagg aaatttattt tcattgcaat agtgtgttgg 3180

aatttttgt gtctctcact cggcctaggt agataagtag catggcgggt taatcattaa 3240

ctacaaggaa cccctagtga tggagttggc cactccctct ctgcgcgctc gctcgctcac 3300

tgaggccggg cgaccaaagg tcgcccgacg cccgggcttt gcccgggcgg cctcagtgag 3360

cgagcgagcg cgcag 3375

<210> 1822

<211> 3878

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1822

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct gtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattctctag cccatctaga gaggaatgtc 1500

ctaagcctct gtcaagagtg tccatcatgg ccggcagcct gacaggcctg ctgctgctgc 1560

aggccgtgtc ctgggccagt ggagcccggc cctgcatccc taagtccttc ggctattcta 1620

gcgtggtctg cgtgtgtaat gccacttact gcgacagctt cgaccctcct accttccccg 1680

cccttggaac attcagcaga tacgagagca ccagaagcgg cagaagaatg gaactgagca 1740

tgggcccaat ccaggccaac cacaccggca ccggcctgct gctgacactg caacctgagc 1800

agaagttcca gaaggtgaag ggatttggag gcgccatgac cgacgctgct gctctgaaca 1860

tcctggccct ctccccacct gctcagaacc tgctgcttaa aagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta taacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcagaacat 1980

acacctacgc cgatacacct gatgacttcc aactgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acacaaagct gaaaatcccc ctgatccacc gggccctgca gctggcccag agacctgtga 2100

gcctgctggc ctctccttgg acaagcccca cctggctgaa gaccaatgga gctgtgaacg 2160

gcaagggcag cctgaagggc cagcccggcg acatctacca ccaaacctgg gctcgctact 2220

tcgtgaaatt cctggacgcc tacgctgagc ataagctgca attttgggcc gttacagccg 2280

agaacgagcc ttctgccggc ctgctgtctg gatatccttt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340
ctgagcacca gagagacttt atcgccagag atctggggcc taccctggct aacagcacac 2400
accacaacgt gcggctgctg atgctggacg atcagaggct gctgctcccc cactgggcca 2460
aggtggtgct gacagatccg gaggccgcca aatacgtgca cggcatcgcc gtccactggt 2520
acctggattt cctggcccct gccaaggcca ccctgggcga gacacataga ctgtttccta 2580
ataccatgct gttcgccagc gaggcctgcg tgggcagcaa gttctgggaa cagagcgtgc 2640
ggctgggcag ctgggacaga ggaatgcagt acagccacag catcattacc aacctgctgt 2700

accacgtggt gggctggacc gactggaacc tggccctgaa ccccgaaggc ggccccaact 2760
gggtgcggaa cttcgtggac tctcctatca tcgtggatat taccaaggat acctttttaca 2820
agcagcctat gttctaccac ctgggccact tcagcaagtt catccctgag ggctctcagc 2880
gggtgggcct ggtggcctct cagaaaaacg acctggatgc cgttgccctg atgcaccccg 2940
acggcagcgc cgtggtggtc gtcctgaata gaagctccaa ggacgtgcct ctgaccatca 3000
aggaccccgc tgtgggattt ctggaaacca tcagccctgg ctacagcatc cacacctacc 3060
tgtggcggcg gcagagaaag aggcgagagg gcagaggaag tcttctaaca tgcggtgacg 3120

tggaggagaa tcccggccct atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc ctgggcgcgg 3180
ctctagccgt gaaagagatg cccatgcaga ctctggtccc cgccaaagtg gcctccaaga 3240
atgtcatccc tgccctggaa ctggtggagc ccattaagaa gcacgaggtc ccagcaaagt 3300
ctgatgttta ctgtgaggtg tgtgaattcc tggtgaagga ggtgaccaag ctgattgaca 3360
acaacaagac tgagaaagaa atactcgacg cttttgacaa aatgtgctcg aagctgccga 3420
agtccctgtc ggaagagtgc caggaggtgg tggacacgta cggcagctcc atcctgtcca 3480
tcctgctgga ggaggtcagc cctgagctgg tgtgcagcat gctgcacctc tgctctggct 3540

agtaactcga ggacggggtg aactacgcct gaggatccga tctttttccc tctgccaaaa 3600
attatgggga catcatgaag ccccttgagc atctgacttc tggctaataa aggaaattta 3660
ttttcattgc aatagtgtgt tggaatttttt tgtgtctctc actcggccta ggtagataag 3720
tagcatggcg ggttaatcat taactacaag gaacccctag tgatggagtt ggccactccc 3780
tctctgcgcg ctcgctcgct cactgaggcc gggcgaccaa aggtcgcccg acgcccgggc 3840
tttgcccggg cggcctcagt gagcgagcga gcgcgcag 3878

<210> 1823

<211> 3512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1823

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggcctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattctctag cccatctaga gaggaatgtc 1500

ctaagcctct gtcaagagtg tccatcatgg ccggcagcct gacaggcctg ctgctgctgc 1560

aggccgtgtc ctgggccagt ggagcccggc cctgcatccc taagtccttc ggctattcta 1620

gcgtggtctg cgtgtgtaat gccacttact gcgacagctt cgaccctcct accttccccg 1680
cccttggaac attcagcaga tacgagagca ccagaagcgg cagaagaatg gaactgagca 1740
tgggcccaat ccaggccaac cacaccggca ccggcctgct gctgacactg caacctgagc 1800
agaagttcca gaaggtgaag ggatttggag gcgccatgac cgacgctgct gctctgaaca 1860
tcctggccct ctccccacct gctcagaacc tgctgcttaa aagctacttc agcgaggaag 1920
gcatcggcta taacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcagaacat 1980
acacctacgc cgatacacct gatgacttcc aactgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acacaaagct gaaaatcccc ctgatccacc gggccctgca gctggcccag agacctgtga 2100
gcctgctggc ctctccttgg acaagcccca cctggctgaa gaccaatgga gctgtgaacg 2160
gcaagggcag cctgaagggc cagcccggcg acatctacca ccaaacctgg gctcgctact 2220
tcgtgaaatt cctggacgcc tacgctgagc ataagctgca attttgggcc gttacagccg 2280
agaacgagcc ttctgccggc ctgctgtctg gatatccttt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340
ctgagcacca gagagacttt atcgccagag atctggggcc taccctggct aacagcacac 2400
accacaacgt gcggctgctg atgctggacg atcagaggct gctgctcccc cactgggcca 2460

aggtggtgct gacagatccg gaggccgcca aatacgtgca cggcatcgcc gtccactggt 2520
acctggattt cctggcccct gccaaggcca ccctgggcga gacacataga ctgtttccta 2580
ataccatgct gttcgccagc gaggcctgcg tgggcagcaa gttctgggaa cagagcgtgc 2640
ggctgggcag ctgggacaga ggaatgcagt acagccacag catcattacc aacctgctgt 2700
accacgtggt gggctggacc gactggaacc tggccctgaa ccccgaaggc ggccccaact 2760
gggtgcggaa cttcgtggac tctcctatca tcgtggatat taccaaggat acctttttaca 2820
agcagcctat gttctaccac ctgggccact tcagcaagtt catccctgag ggctctcagc 2880

gggtgggcct ggtggcctct cagaaaaacg acctggatgc cgttgccctg atgcaccccg 2940
acggcagcgc cgtggtggtc gtcctgaata gaagctccaa ggacgtgcct ctgaccatca 3000
aggaccccgc tgtgggattt ctggaaacca tcagccctgg ctacagcatc cacacctacc 3060
tgtggcggcg gcagggaggg gggggttcgg gtggcggcgg aagtgggggc ggtggttctc 3120
tacggaagct gcggaagcgg ctactgctgc ggaaacttcg gaaacggcta ctgtagtaac 3180
tcgaggacgg ggtgaactac gcctgaggat ccgatctttt tccctctgcc aaaaattatg 3240
gggacatcat gaagcccctt gagcatctga cttctggcta ataaaggaaa tttattttca 3300

ttgcaatagt gtgttggaat tttttgtgtc tctcactcgg cctaggtaga taagtagcat 3360

ggcgggttaa tcattaacta caaggaaccc ctagtgatgg agttggccac tccctctctg 3420

cgcgctcgct cgctcactga ggccgggcga ccaaaggtcg cccgacgccc gggctttgcc 3480

cgggcggcct cagtgagcga gcgagcgcgc ag 3512

<210> 1824

<211> 3476

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1824

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattctctag cccatctaga gaggaatgtc 1500

ctaagcctct gtcaagagtg tccatcatgg ccggcagcct gacaggcctg ctgctgctgc 1560

aggccgtgtc ctgggccagt ggaatgaagg agaccgctgc tgcaaagttc gagagacagc 1620

atatggatag ctccacaagc gccgcagccc ggccctgcat ccctaagtcc ttcggctatt 1680

ctagcgtggt ctgcgtgtgt aatgccactt actgcgacag cttcgaccct cctaccttcc 1740

ccgcccttgg aacattcagc agatacgaga gcaccagaag cggcagaaga atggaactga 1800

gcatgggccc aatccaggcc aaccacaccg gcaccggcct gctgctgaca ctgcaacctg 1860

agcagaagtt ccagaaggtg aagggatttg gaggcgccat gaccgacgct gctgctctga 1920

acatcctggc cctctcccca cctgctcaga acctgctgct taaaagctac ttcagcgagg 1980

aaggcatcgg ctataacatc atcagagtgc ccatggccag ctgcgacttc agcatcagaa 2040

catacaccta cgccgataca cctgatgact tccaactgca caacttcagc ctgcctgaag 2100

aggacacaaa gctgaaaatc cccctgatcc accgggccct gcagctggcc cagagacctg 2160

tgagcctgct ggcctctcct tggacaagcc ccacctggct gaagaccaat ggagctgtga 2220

acggcaaggg cagcctgaag ggccagcccg gcgacatcta ccaccaaacc tgggctcgct 2280

acttcgtgaa attcctggac gcctacgctg agcataagct gcaattttgg gccgttacag 2340

ccgagaacga gccttctgcc ggcctgctgt ctggatatcc tttccagtgc ctgggcttca 2400

cccctgagca ccagagagac tttatcgcca gagatctggg gcctaccctg gctaacagca 2460

cacaccacaa cgtgcggctg ctgatgctgg acgatcagag gctgctgctc ccccactggg 2520

ccaaggtggt gctgacagat ccggaggccg ccaaatacgt gcacggcatc gccgtccact 2580

ggtacctgga tttcctggcc cctgccaagg ccaccctggg cgagacacat agactgtttc 2640

ctaataccat gctgttcgcc agcgaggcct gcgtgggcag caagttctgg gaacagagcg 2700

tgcggctggg cagctgggac agaggaatgc agtacagcca cagcatcatt accaacctgc 2760

tgtaccacgt ggtgggctgg accgactgga acctggccct gaaccccgaa ggcggcccca 2820

actgggtgcg gaacttcgtg gactctccta tcatcgtgga tattaccaag gatacctttt 2880

acaagcagcc tatgttctac cacctgggcc acttcagcaa gttcatccct gagggctctc 2940

agcgggtggg cctggtggcc tctcagaaaa acgacctgga tgccgttgcc ctgatgcacc 3000

ccgacggcag cgccgtggtg gtcgtcctga atagaagctc caaggacgtg cctctgacca 3060
tcaaggaccc cgctgtggga tttctggaaa ccatcagccc tggctacagc atccacacct 3120
acctgtggcg gcggcagtag taactcgagg acggggtgaa ctacgcctga ggatccgatc 3180
tttttccctc tgccaaaaat tatggggaca tcatgaagcc ccttgagcat ctgacttctg 3240
gctaataaag gaaatttatt ttcattgcaa tagtgtgttg gaatttttg tgtctctcac 3300
tcggcctagg tagataagta gcatggcggg ttaatcatta actacaagga acccctagtg 3360
atggagttgg ccactccctc tctgcgcgct cgctcgctca ctgaggccgg gcgaccaaag 3420

gtcgcccgac gcccgggctt tgcccgggcg gcctcagtga gcgagcgagc gcgcag 3476

<210> 1825
<211> 3428
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1825

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60
ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120
aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180
atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300
tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360
tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420
aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480
caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540
tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600
ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720
gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780
tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattctctag cccatctaga gaggaatgtc 1500

ctaagcctct gtcaagagtg tccatcatgg ccggcagcct gacaggcctg ctgctgctgc 1560

aggccgtgtc ctgggccagt ggagcccggc cctgcatccc taagtccttc ggctattcta 1620

gcgtggtctg cgtgtgtaat gccacttact gcgacagctt cgaccctcct accttccccg 1680

cccttggaac attcagcaga tacgagagca ccagaagcgg cagaagaatg gaactgagca 1740

tgggcccaat ccaggccaac cacaccggca ccggcctgct gctgacactg caacctgagc 1800

agaagttcca gaaggtgaag ggatttggag gcgccatgac cgacgctgct gctctgaaca 1860

tcctggccct ctccccacct gctcagaacc tgctgcttaa aagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta taacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcagaacat 1980

acacctacgc cgatacacct gatgacttcc aactgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acacaaagct gaaaatcccc ctgatccacc gggccctgca gctggcccag agacctgtga 2100

gcctgctggc ctctccttgg acaagcccca cctggctgaa gaccaatgga gctgtgaacg 2160

gcaagggcag cctgaagggc cagcccggcg acatctacca ccaaacctgg gctcgctact 2220

tcgtgaaatt cctggacgcc tacgctgagc ataagctgca attttgggcc gttacagccg 2280

agaacgagcc ttctgccggc ctgctgtctg gatatccttt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340

ctgagcacca gagagacttt atcgccagag atctggggcc taccctggct aacagcacac 2400

accacaacgt gcggctgctg atgctggacg atcagaggct gctgctcccc cactgggcca 2460

aggtggtgct gacagatccg gaggccgcca aatacgtgca cggcatcgcc gtccactggt 2520

acctggattt cctggcccct gccaaggcca ccctgggcga gacacataga ctgtttccta 2580

ataccatgct gttcgccagc gaggcctgcg tgggcagcaa gttctgggaa cagagcgtgc 2640

ggctgggcag ctgggacaga ggaatgcagt acagccacag catcattacc aacctgctgt 2700

accacgtggt gggctggacc gactggaacc tggccctgaa ccccgaaggc ggccccaact 2760

gggtgcggaa cttcgtggac tctcctatca tcgtggatat taccaaggat acctttttaca 2820

agcagcctat gttctaccac ctgggccact tcagcaagtt catccctgag ggctctcagc 2880

gggtgggcct ggtggcctct cagaaaaacg acctggatgc cgttgccctg atgcaccccg 2940

acggcagcgc cgtggtggtc gtcctgaata gaagctccaa ggacgtgcct ctgaccatca 3000

aggaccccgc tgtgggattt ctggaaacca tcagccctgg ctacagcatc cacacctacc 3060

tgtggcggcg gcagcagaga ttcttcgagt agtaactcga ggacggggtg aactacgcct 3120

gaggatccga tctttttccc tctgccaaaa attatgggga catcatgaag ccccttgagc 3180

atctgacttc tggctaataa aggaaattta ttttcattgc aatagtgtgt tggaattttt 3240

tgtgtctctc actcggccta ggtagataag tagcatggcg ggttaatcat taactacaag 3300

gaaccctag tgatggagtt ggccactccc tctctgcgcg ctcgctcgct cactgaggcc 3360

gggcgaccaa aggtcgcccg acgcccgggc tttgcccggg cggcctcagt gagcgagcga 3420

gcgcgcag 3428

<210> 1826

<211> 3500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1826

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg agttttcaag tccttccaga gaggaatgtc 1500

ccaagccttt gagtagggta agcatcatgg ctggcagcct cacaggattg cttctacttc 1560

aggcagtgtc gtgggcatca ggtgcccgcc cctgcatccc taaaagcttc ggctacagct 1620

cggtggtgtg tgtctgcaat gccacatact gtgactcctt tgacccccg acctttcctg 1680

cccttggtac cttcagccgc tatgagagta cacgcagtgg gcgacggatg gagctgagta 1740

tggggcccat ccaggctaat cacacgggca caggcctgct actgaccctg cagccagaac 1800

agaagttcca gaaagtgaag ggatttggag gggccatgac agatgctgct gctctcaaca 1860

tccttgccct gtcacccccct gcccaaaatt tgctacttaa atcgtacttc tctgaagaag 1920

gaatcggata taacatcatc cgggtaccca tggccagctg tgacttctcc atccgcacct 1980

acacctatgc agacacccct gatgatttcc agttgcacaa cttcagcctc ccagaggaag 2040

ataccaagct caagataccc ctgattcacc gagccctgca gttggcccag cgtcccgttt 2100

cactccttgc cagcccctgg acatcaccca cttggctcaa gaccaatgga gcggtgaatg 2160

ggaaggggtc actcaaggga cagcccggag acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

ttgtgaagtt cctggatgcc tatgctgagc acaagttaca gttctgggca gtgacagctg 2280

aaaatgagcc ttctgctggg ctgttgagtg gataccccctt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340

ctgaacatca gcgagacttc attgcccgtg acctaggtcc taccctcgcc aacagtactc 2400

accacaatgt ccgcctactc atgctggatg accaacgctt gctgctgccc cactgggcaa 2460

aggtggtact gacagaccca gaagcagcta aatatgttca tggcattgct gtacattggt 2520

acctggactt tctggctcca gccaaagcca ccctagggga gacacaccgc ctgttcccca 2580
acaccatgct ctttgcctca gaggcctgtg tgggctccaa gttctgggag cagagtgtgc 2640
ggctaggctc ctgggatcga gggatgcagt acagccacag catcatcacg aacctcctgt 2700
accatgtggt cggctggacc gactggaacc ttgccctgaa ccccgaagga ggacccaatt 2760
gggtgcgtaa ctttgtcgac agtcccatca ttgtagacat caccaaggac acgttttaca 2820
aacagcccat gttctaccac cttggccact tcagcaagtt cattcctgag ggctcccaga 2880
gagtggggct ggttgccagt cagaagaacg acctggacgc agtggcactg atgcatcccg 2940

atggctctgc tgttgtggtc gtgctaaacc gctcctctaa ggatgtgcct cttaccatca 3000
aggatcctgc tgtgggcttc ctggagacaa tctcacctgg ctactccatt cacacctacc 3060
tgtggcgtcg ccagggaggg gggggttcgg gtggcggcgg aagtgggggc ggtggttctt 3120
atggcaggaa aaagcggagg caaaggcgcc gccccccccа gtagtaactc gaggacgggg 3180
tgaactacgc ctgaggatcc gatctttttc cctctgccaa aaattatggg gacatcatga 3240
agcccccttga gcatctgact tctggctaat aaaggaaatt tattttcatt gcaatagtgt 3300
gttggaattt tttgtgtctc tcactcggcc taggtagata agtagcatgg cgggttaatc 3360

attaactaca aggaacccct agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg 3420
ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca 3480
gtgagcgagc gagcgcgcag 3500
<210> 1827
<211> 3500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1827
ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60
ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180
atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240
tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattctctag cccatctaga gaggaatgtc 1500

ctaagcctct gtcaagagtg tccatcatgg ccggcagcct gacaggcctg ctgctgctgc 1560

aggccgtgtc ctgggccagt ggagcccggc cctgcatccc taagtccttc ggctattcta 1620

gcgtggtctg cgtgtgtaat gccacttact gcgacagctt cgaccctcct accttccccg 1680

cccttggaac attcagcaga tacgagagca ccagaagcgg cagaagaatg gaactgagca 1740

tgggcccaat ccaggccaac cacaccggca ccggcctgct gctgacactg caacctgagc 1800

agaagttcca gaaggtgaag ggatttggag gcgccatgac cgacgctgct gctctgaaca 1860

tcctggccct ctccccacct gctcagaacc tgctgcttaa aagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta taacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcagaacat 1980

acacctacgc cgatacacct gatgacttcc aactgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040

acacaaagct gaaaatcccc ctgatccacc gggccctgca gctggcccag agacctgtga 2100

gcctgctggc ctctccttgg acaagcccca cctggctgaa gaccaatgga gctgtgaacg 2160

gcaagggcag cctgaagggc cagcccggcg acatctacca ccaaacctgg gctcgctact 2220

tcgtgaaatt cctggacgcc tacgctgagc ataagctgca attttgggcc gttacagccg 2280
agaacgagcc ttctgccggc ctgctgtctg gatatccttt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340
ctgagcacca gagagacttt atcgccagag atctggggcc taccctggct aacagcacac 2400
accacaacgt gcggctgctg atgctggacg atcagaggct gctgctcccc cactgggcca 2460
aggtggtgct gacagatccg gaggccgcca aatacgtgca cggcatcgcc gtccactggt 2520
acctggattt cctggcccct gccaaggcca ccctgggcga gacacataga ctgtttccta 2580
ataccatgct gttcgccagc gaggcctgcg tgggcagcaa gttctgggaa cagagcgtgc 2640

ggctgggcag ctgggacaga ggaatgcagt acagccacag catcattacc aacctgctgt 2700
accacgtggt gggctggacc gactggaacc tggccctgaa ccccgaaggc ggccccaact 2760
gggtgcggaa cttcgtggac tctcctatca tcgtggatat taccaaggat acctttttaca 2820
agcagcctat gttctaccac ctgggccact tcagcaagtt catccctgag ggctctcagc 2880
gggtgggcct ggtggcctct cagaaaaacg acctggatgc cgttgccctg atgcaccccg 2940
acggcagcgc cgtggtggtc gtcctgaata gaagctccaa ggacgtgcct ctgaccatca 3000
aggaccccgc tgtgggattt ctggaaacca tcagccctgg ctacagcatc cacacctacc 3060

tgtggcggcg gcagggaggg gggggttcgg gtggcggcgg aagtgggggc ggtggttctt 3120
atggcaggaa aaagcggagg caaaggcgcc gccccccccа gtagtaactc gaggacgggg 3180
tgaactacgc ctgaggatcc gatctttttc cctctgccaa aaattatggg gacatcatga 3240
agcccccttga gcatctgact tctggctaat aaaggaaatt tattttcatt gcaatagtgt 3300
gttggaattt tttgtgtctc tcactcggcc taggtagata agtagcatgg cgggttaatc 3360
attaactaca aggaacccct agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg 3420
ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca 3480

gtgagcgagc gagcgcgcag 3500

<210> 1828

<211> 3571

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1828

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcactaggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatggggatcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaatggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgttcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggtaaactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgtcaatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcctacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgcttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggggcgagggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgctccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcgcgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatccacgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatcccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccgcctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatcatgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagcaatatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatattgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggctggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttcctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaattgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg aattctctag cccatctaga gaggaatgtc

ctaagcctct gtcaagagtg tccatcatgg ccggcagcct gacaggcctg ctgctgctgcaggccgtgtc ctgggccagt ggagcccggc cctgcatccc taagtccttc ggctattctagcgtggtctg cgtgtgtaat gccacttact gcgacagctt cgaccctcct accttccccgcccttggaac attcagcaga tacgagagca ccagaagcgg cagaagaatg gaactgagcatgggcccaat ccaggccaac cacaccggca ccggcctgct gctgacactg caacctgagcagaagttcca gaaggtgaag ggatttggag gcgccatgac cgacgctgct gctctgaaca

tcctggccct ctccccacct gctcagaacc tgctgcttaa aagctacttc agcgaggaag 1920

gcatcggcta taacatcatc agagtgccca tggccagctg cgacttcagc atcagaacat 1980
acacctacgc cgatacacct gatgacttcc aactgcacaa cttcagcctg cctgaagagg 2040
acacaaagct gaaaatcccc ctgatccacc gggccctgca gctggcccag agacctgtga 2100
gcctgctggc ctctccttgg acaagcccca cctggctgaa gaccaatgga gctgtgaacg 2160
gcaagggcag cctgaagggc cagcccggcg acatctacca ccaaacctgg gctcgctact 2220
tcgtgaaatt cctggacgcc tacgctgagc ataagctgca attttgggcc gttacagccg 2280
agaacgagcc ttctgccggc ctgctgtctg gatatccttt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340

ctgagcacca gagagacttt atcgccagag atctggggcc taccctggct aacagcacac 2400
accacaacgt gcggctgctg atgctggacg atcagaggct gctgctcccc cactgggcca 2460
aggtggtgct gacagatccg gaggccgcca aatacgtgca cggcatcgcc gtccactggt 2520
acctggattt cctggcccct gccaaggcca ccctgggcga gacacataga ctgtttccta 2580
ataccatgct gttcgccagc gaggcctgcg tgggcagcaa gttctgggaa cagagcgtgc 2640
ggctgggcag ctgggacaga ggaatgcagt acagccacag catcattacc aacctgctgt 2700
accacgtggt gggctggacc gactggaacc tggccctgaa ccccgaaggc ggccccaact 2760

gggtgcggaa cttcgtggac tctcctatca tcgtggatat taccaaggat acctttttaca 2820
agcagcctat gttctaccac ctgggccact tcagcaagtt catccctgag ggctctcagc 2880
gggtgggcct ggtggcctct cagaaaaacg acctggatgc cgttgccctg atgcaccccg 2940
acggcagcgc cgtggtggtc gtcctgaata gaagctccaa ggacgtgcct ctgaccatca 3000
aggaccccgc tgtgggattt ctggaaacca tcagccctgg ctacagcatc cacacctacc 3060
tgtggcggcg gcagtagtaa cctcgaggta ccaggagctc ttctcctagt gaattctacc 3120
agtgccatag atagttaagt gaattctacc agtgccatag atagttaagt gaattctacc 3180

agtgccatag atagttaagt gaattctacc agtgccatac tgcagtcagg tctataccat 3240
cgaggacggg gtgaactacg cctgaggatc cgatcttttt ccctctgcca aaaattatgg 3300
ggacatcatg aagccccttg agcatctgac ttctggctaa taaaggaaat ttattttcat 3360
tgcaatagtg tgttggaatt ttttgtgtct ctcactcggc ctaggtagat aagtagcatg 3420
gcgggttaat cattaactac aaggaacccc tagtgatgga gttggccact ccctctctgc 3480
gcgctcgctc gctcactgag gccgggcgac caaaggtcgc ccgacgcccg ggctttgccc 3540
gggcggcctc agtgagcgag cgagcgcgca g 3571

<210> 1829

<211> 130

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1829

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgacctttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct 130

<210> 1830

<211> 130

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1830

aggaacccct agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg 60

ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc 120

gagcgcgcag 130

<210> 1831

<211> 380

<212> DNA

<213> Human betafrpesvirus 5

<400> 1831

gacattgatt attgactagt tattaatagt aatcaattac ggggtcatta gttcatagcc 60

catatatgga gttccgcgtt acataactta cggtaaatgg cccgcctggc tgaccgccca 120

acgacccccg cccattgacg tcaataatga cgtatgttcc catagtaacg ccaataggga 180

ctttccattg acgtcaatgg gtggagtatt tacggtaaac tgcccacttg gcagtacatc 240

aagtgtatca tatgccaagt acgcccccta ttgacgtcaa tgacggtaaa tggcccgcct 300

ggcattatgc ccagtacatg accttatggg actttcctac ttggcagtac atctacgtat 360

tagtcatcgc tattaccatg 380

<210> 1832

<211> 205

<212> DNA

<213> Human betafrpesvirus 5

<400> 1832

gtgatgcggt tttggcagta catcaatggg cgtggatagc ggtttgactc acggggattt 60

ccaagtctcc accccattga cgtcaatggg agtttgtttt ggcaccaaaa tcaacgggac 120

tttccaaaat gtcgtaacaa ctccgcccca ttgacgcaaa tgggcggtag gcgtgtacgg 180

tgggaggtct atataagcag agctc 205

<210> 1833

<211> 585

<212> DNA

<213> Human betafrpesvirus 5

<400> 1833

gacattgatt attgactagt tattaatagt aatcaattac ggggtcatta gttcatagcc 60

catatatgga gttccgcgtt acataactta cggtaaatgg cccgcctggc tgaccgccca 120

acgacccccg cccattgacg tcaataatga cgtatgttcc catagtaacg ccaataggga 180

ctttccattg acgtcaatgg gtggagtatt tacggtaaac tgcccacttg gcagtacatc 240

aagtgtatca tatgccaagt acgcccccta ttgacgtcaa tgacggtaaa tggcccgcct 300

ggcattatgc ccagtacatg accttatggg actttcctac ttggcagtac atctacgtat 360

tagtcatcgc tattaccatg gtgatgcggt tttggcagta catcaatggg cgtggatagc 420

ggtttgactc acggggattt ccaagtctcc accccattga cgtcaatggg agtttgtttt 480

ggcaccaaaa tcaacgggac tttccaaaat gtcgtaacaa ctccgcccca ttgacgcaaa 540

tgggcggtag gcgtgtacgg tgggaggtct atataagcag agctc 585

<210> 1834

<211> 260

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1834

ccacgttctg cttcactctc cccatctccc ccccctcccc acccccaatt ttgtatttat 60

ttatttttta attattttgt gcagcgatgg gggcgggggg ggggggcgcg cgccaggcgg 120

ggcggggcgg ggcgaggggc ggggcggggc gaggcggaga ggtgcggcgg cagccaatca 180

gagcggcgcg ctccgaaagt ttccttttat ggcgaggcgg cggcggcggc ggccctataa 240

aaagcgaagc gcgcggcggg 260

<210> 1835

<211> 1715

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1835

ctagttatta atagtaatca attacggggt cattagttca tagcccatat atggagttcc 60

gcgttacata acttacggta aatggcccgc ctggctgacc gcccaacgac ccccgcccat 120

tgacgtcaat aatgacgtat gttcccatag taacgccaat agggactttc cattgacgtc 180

aatgggtgga gtatttacgg taaactgccc acttggcagt acatcaagtg tatcatatgc 240

caagtacgcc ccctattgac gtcaatgacg gtaaatggcc cgcctggcat tatgcccagt 300

acatgacctt atgggacttt cctacttggc agtacatcta cgtattagtc atcgctatta 360

ccatggtcga ggtgagcccc acgttctgct tcactctccc catctccccc ccctccccac 420

ccccaatttt gtatttattt atttttttaat tattttgtgc agcgatgggg gcgggggggg 480

gggggggggcg cgcgccaggc ggggcggggc ggggcgaggg gcggggcggg gcgaggcgga 540

gaggtgcggc ggcagccaat cagagcggcg cgctccgaaa gtttcctttt atggcgaggc 600

ggcggcggcg gcggccctat aaaaagcgaa gcgcgcggcg ggcgggagtc gctgcgcgct 660

gccttcgccc cgtgccccgc tccgccgccg cctcgcgccg cccgccccgg ctctgactga 720

ccgcgttact cccacaggtg agcgggcggg acggcccttc tcctccgggc tgtaattagc 780

gcttggttta atgacggctt gtttcttttc tgtggctgcg tgaaagcctt gaggggctcc 840

gggagggccc tttgtgcggg gggagcggct cgggggggtgc gtgcgtgtgt gtgtgcgtgg 900

ggagcgccgc gtgcggctcc gcgctgcccg gcggctgtga gcgctgcggg cgcggcgcgg 960

ggctttgtgc gctccgcagt gtgcgcgagg ggagcgcggc cgggggcggt gccccgcggt 1020

gcgggggggg ctgcgagggg aacaaaggct gcgtgcgggg tgtgtgcgtg gggggggtgag 1080

caggggggtgt gggcgcgtcg gtcgggctgc aacccccccct gcacccccct ccccgagttg 1140

ctgagcacgg cccggcttcg ggtgcggggc tccgtacggg gcgtggcgcg gggctcgccg 1200

tgccgggcgg ggggtggcgg caggtggggg tgccgggcgg ggcggggccg cctcgggccg 1260

gggagggctc gggggagggg cgcggcggcc cccggagcgc cggcggctgt cgaggcgcgg 1320

cgagccgcag ccattgcctt ttatggtaat cgtgcgagag ggcgcaggga cttcctttgt 1380

cccaaatctg tgcggagccg aaatctggga ggcgccgccg cacccccctct agcgggcgcg 1440

gggcgaagcg gtgcggcgcc ggcaggaagg aaatgggcgg ggagggcctt cgtgcgtcgc 1500

cgcgccgccg tccccttctc cctctccagc ctcggggctg tccgcggggg gacggctgcc 1560

ttcgggggggg acggggcagg gcggggttcg gcttctggcg tgtgaccggc ggctctagag 1620

cctctgctaa ccatgttcat gccttcttct ttttcctaca gctcctgggc aacgtgctgg 1680

ttattgtgct gtctcatcat tttggcaaag aattc 1715

<210> 1836

<211> 283

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1836

catggtcgag gtgagcccca cgttctgctt cactctcccc atctcccccc cctccccacc 60

cccaattttg tatttattta ttttttaatt attttgtgca gcgatggggg cgggggggggg 120

ggggggggcgc gcgccaggcg gggcggggcg gggcgagggg cggggcgggg cgaggcggag 180

aggtgcggcg gcagccaatc agagcggcgc gctccgaaag tttcctttta tggcgaggcg 240

gcggcggcgg cggccctata aaaagcgaag cgcgcggcgg gcg 283

<210> 1837

<211> 1016

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1837

ggagtcgctg cgcgctgcct tcgccccgtg ccccgctccg ccgccgcctc gcgccgcccg 60

ccccggctct gactgaccgc gttactccca caggtgagcg ggcgggacgg cccttctcct 120

ccgggctgta attagcgctt ggtttaatga cggcttgttt cttttctgtg gctgcgtgaa 180

agccttgagg ggctccggga gggccctttg tgcgggggga gcggctcggg gggtgcgtgc 240

gtgtgtgtgt gcgtggggag cgccgcgtgc ggctccgcgc tgcccggcgg ctgtgagcgc 300

tgcgggcgcg gcgcggggct ttgtgcgctc cgcagtgtgc gcgaggggag cgcggccggg 360

ggcggtgccc cgcggtgcgg gggggctgc gaggggaaca aaggctgcgt gcggggtgtg 420

tgcgtggggg ggtgagcagg gggtgtgggc gcgtcggtcg ggctgcaacc ccccctgcac 480

ccccctcccc gagttgctga gcacggcccg gcttcgggtg cggggctccg tacggggcgt 540

ggcgcggggc tcgccgtgcc gggcgggggg tggcggcagg tgggggtgcc gggcggggcg 600

gggccgcctc gggccgggga gggctcgggg gaggggcgcg gcggcccccg gagcgccggc 660

ggctgtcgag gcgcggcgag ccgcagccat tgccttttat ggtaatcgtg cgagagggcg 720

cagggacttc ctttgtccca aatctgtgcg gagccgaaat ctgggaggcg ccgccgcacc 780

ccctctagcg ggcgcggggc gaagcggtgc ggcgccggca ggaaggaaat gggcggggag 840

ggccttcgtg cgtcgccgcg ccgccgtccc cttctccctc tccagcctcg gggctgtccg 900

cgggggggacg gctgccttcg gggggggacgg ggcagggcgg ggttcggctt ctggcgtgtg 960

accggcggct ctagagcctc tgctaaccat gttcatgcct tcttcttttt cctaca 1016

<210> 1838

<211> 10

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1838

gcatgcgtga 10

<210> 1839

<211> 1189

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400>

1839

gcatgcgtga ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga 60

gaagttgggg ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa 120

ctgggaaagt gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta 180

tataagtgca gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca 240

ggtaagtgcc gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt 300

gccttgaatt acttccacct ggctgcagta cgtgattctt gatcccgagc ttcgggttgg 360

aagtgggtgg gagagttcga ggccttgcgc ttaaggagcc ccttcgcctc gtgcttgagt 420

tgaggcctgg cctgggcgct ggggccgccg cgtgcgaatc tggtggcacc ttcgcgcctg 480

tctcgctgct ttcgataagt ctctagccat ttaaaatttt tgatgacctg ctgcgacgct 540

ttttttctgg caagatagtc ttgtaaatgc gggccaagat ctgcacactg gtatttcggt 600

ttttggggcc gcgggcggcg acggggcccg tgcgtcccag cgcacatgtt cggcgaggcg 660

gggcctgcga gcgcggccac cgagaatcgg acgggggtag tctcaagctg gccggcctgc 720

tctggtgcct ggcctcgcgc cgccgtgtat cgccccgccc tgggcggcaa ggctggcccg 780

gtcggcacca gttgcgtgag cggaaagatg gccgcttccc ggccctgctg cagggagctc 840

aaaatggagg acgcggcgct cgggagagcg ggcgggtgag tcacccacac aaaggaaaag 900

ggcctttccg tcctcagccg tcgcttcatg tgactccacg gagtaccggg cgccgtccag 960

gcacctcgat tagttctcga gcttttggag tacgtcgtct ttaggttggg gggaggggtt 1020

ttatgcgatg gagtttcccc acactgagtg ggtggagact gaagttaggc cagcttggca 1080

cttgatgtaa ttctccttgg aatttgccct ttttgagttt ggatcttggt tcattctcaa 1140

gcctcagaca gtggttcaaa gtttttttct tccatttcag gtgtcgtga 1189

<210> 1840

<211> 1179

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1840

ggctccggtg cccgtcagtg ggcagagcgc acatcgccca cagtccccga gaagttgggg 60

ggaggggtcg gcaattgaac cggtgcctag agaaggtggc gcggggtaaa ctgggaaagt 120

gatgtcgtgt actggctccg cctttttccc gagggtgggg gagaaccgta tataagtgca 180

gtagtcgccg tgaacgttct ttttcgcaac gggtttgccg ccagaacaca ggtaagtgcc 240

gtgtgtggtt cccgcgggcc tggcctcttt acgggttatg gcccttgcgt gccttgaatt 300

acttccacct ggctgcagta cgtgattctt gatcccgagc ttcgggttgg aagtgggtgg 360

gagagttcga ggccttgcgc ttaaggagcc ccttcgcctc gtgcttgagt tgaggcctgg 420

cctgggcgct ggggccgccg cgtgcgaatc tggtggcacc ttcgcgcctg tctcgctgct 480

ttcgataagt ctctagccat ttaaaatttt tgatgacctg ctgcgacgct ttttttctgg 540

caagatagtc ttgtaaatgc gggccaagat ctgcacactg gtatttcggt ttttggggcc 600

gcgggcggcg acggggcccg tgcgtcccag cgcacatgtt cggcgaggcg gggcctgcga 660

gcgcggccac cgagaatcgg acgggggtag tctcaagctg gccggcctgc tctggtgcct 720

ggcctcgcgc cgccgtgtat cgccccgccc tgggcggcaa ggctggcccg gtcggcacca 780

gttgcgtgag cggaaagatg gccgcttccc ggccctgctg cagggagctc aaaatggagg 840

acgcggcgct cgggagagcg ggcgggtgag tcacccacac aaaggaaaag ggcctttccg 900

tcctcagccg tcgcttcatg tgactccacg gagtaccggg cgccgtccag gcacctcgat 960

tagttctcga gcttttggag tacgtcgtct ttaggttggg gggaggggtt ttatgcgatg 1020

gagtttcccc acactgagtg ggtggagact gaagttaggc cagcttggca cttgatgtaa 1080

ttctccttgg aatttgccct ttttgagttt ggatcttggt tcattctcaa gcctcagaca 1140

gtggttcaaa gtttttttct tccatttcag gtgtcgtga 1179

<210> 1841

<211> 939

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1841

gtaagtgccg tgtgtggttc ccgcgggcct ggcctcttta cgggttatgg cccttgcgtg 60

ccttgaatta cttccacctg gctgcagtac gtgattcttg atcccgagct tcgggttgga 120

agtgggtggg agagttcgag gccttgcgct taaggagccc cttcgcctcg tgcttgagtt 180

gaggcctggc ctgggcgctg gggccgccgc gtgcgaatct ggtggcacct tcgcgcctgt 240

ctcgctgctt tcgataagtc tctagccatt taaaattttt gatgacctgc tgcgacgctt 300

ttttctggc aagatagtct tgtaaatgcg ggccaagatc tgcacactgg tatttcggtt 360
tttggggccg cgggcggcga cggggcccgt gcgtcccagc gcacatgttc ggcgaggcgg 420
ggcctgcgag cgcggccacc gagaatcgga cgggggtagt ctcaagctgg ccggcctgct 480
ctggtgcctg gcctcgcgcc gccgtgtatc gccccgccct gggcggcaag gctggcccgg 540
tcggcaccag ttgcgtgagc ggaaagatgg ccgcttcccg gccctgctgc agggagctca 600
aaatggagga cgcggcgctc gggagagcgg gcgggtgagt cacccacaca aaggaaaagg 660
gcctttccgt cctcagccgt cgcttcatgt gactccacgg agtaccgggc gccgtccagg 720

cacctcgatt agttctcgag cttttggagt acgtcgtctt taggttgggg ggaggggttt 780
tatgcgatgg agtttcccca cactgagtgg gtggagactg aagttaggcc agcttggcac 840
ttgatgtaat tctccttgga atttgccctt tttgagtttg gatcttggtt cattctcaag 900
cctcagacag tggttcaaag ttttttttctt ccatttcag 939
<210> 1842
<211> 566
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 1842
tcagatcgcc tggagacgcc atccacgctg ttttgacctc catagaagac accgggaccg 60

atccagcctc cgcggattcg aatcccggcc gggaacggtg cattggaacg cggattcccc 120
gtgccaagag tgacgtaagt accgcctata gagtctatag gcccacaaaa aatgctttct 180
tcttttaata tacttttttg tttatcttat ttctaatact ttccctaatc tctttctttc 240
agggcaataa tgatacaatg tatcatgcct ctttgcacca ttctaaagaa taacagtgat 300
aatttctggg ttaaggcaat agcaatattt ctgcatataa atatttctgc atataaattg 360
taactgatgt aagaggtttc atattgctaa tagcagctac aatccagcta ccattctgct 420
tttattttat ggttgggata aggctggatt attctgagtc caagctaggc ccttttgcta 480

atcatgttca tacctcttat cttcctccca cagctcctgg gcaacgtgct ggtctgtgtg 540
ctggcccatc actttggcaa agaatt 566
<210> 1843

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1843

Gly Gly Gly Gly Ser

1 5

<210> 1844

<400> 1844

000

<210> 1845

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 1845

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 1846

<211> 127

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1846

gatctttttc cctctgccaa aaattatggg gacatcatga agcccccttga gcatctgact 60

tctggctaat aaaggaaatt tattttcatt gcaatagtgt gttggaattt tttgtgtctc 120

tcactcg 127

<210> 1847

<211> 22

<212> DNA

<213> Unknown

<220><221> source

<223> /note="Description of Unknown:
miR183 binding site sequence"

<400> 1847

agtgaattct accagtgcca ta 22

<210> 1848

<211> 8

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1848

gatagtta 8

<210> 1849

<211
> 112

<212> DNA

<213> Unknown

<220><221> source

<223> /note="Description of Unknown:
miR183 binding site sequence"

<400> 1849

agtgaattct accagtgcca tagatagtta agtgaattct accagtgcca tagatagtta 60

agtgaattct accagtgcca tagatagtta agtgaattct accagtgcca ta 112

<210> 1850

<211> 117

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1850

atggaattct ctagcccatc tagagaggaa tgtcctaagc ctctgtcaag agtgtccatc 60

atggccggca gcctgacagg cctgctgctg ctgcaggccg tgtcctgggc cagtgga 117

<210> 1851

<211> 117

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1851

atggagtttt caagtccttc cagagaggaa tgtcccaagc ctttgagtag ggtaagcatc 60

atggctggca gcctcacagg attgcttcta cttcaggcag tgtcgtgggc atcaggt 117

<210> 1852

<211> 117

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1852

atggaattca gcagccccag cagagaggaa tgccccaagc ctctgagccg ggtgtcaatc 60

atggccggat ctctgacagg actgctgctg cttcaggccg tgtcttgggc ttctggc 117

<210> 1853

<211> 39

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 1853

Met Glu Phe Ser Ser Pro Ser Arg Glu Glu Cys Pro Lys Pro Leu Ser

1 5 10 15

Arg Val Ser Ile Met Ala Gly Ser Leu Thr Gly Leu Leu Leu Leu Gln

20 25 30

Ala Val Ser Trp Ala Ser Gly

35

<210> 1854

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1854

Arg Lys Arg Arg

1

<210> 1855

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 1855

Glu Gly Arg Gly Ser Leu Leu Thr Cys Gly Asp Val Glu Glu Asn Pro

1 5 10 15

Gly Pro

<210> 1856

<211> 48

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1856

atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc ctgggcgcgg ctctagcc 48

<210> 1857

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1857

Met Tyr Ala Leu Phe Leu Leu Ala Ser Leu Leu Gly Ala Ala Leu Ala

1 5 10 15

<210> 1858

<211> 1575

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1858

atgtacgccc tcttcctcct ggccagcctc ctgggcgcgg ctctagccgg cccggtcctt 60

ggactgaaag aatgcaccag gggctcggca gtgtggtgcc agaatgtgaa gacggcgtcc 120

gactgcgggg cagtgaagca ctgcctgcag accgtttgga acaagccaac agtgaaatcc 180

cttccctgcg acatatgcaa agacgttgtc accgcagctg gtgatatgct gaaggacaat 240

gccactgagg aggagatcct tgtttacttg gagaagacct gtgactggct tccgaaaccg 300

aacatgtctg cttcatgcaa ggagatagtg gactcctacc tccctgtcat cctggacatc 360

attaaaggag aaatgagccg tcctggggag gtgtgctctg ctctcaacct ctgcgagtct 420

ctccagaagc acctagcaga gctgaatcac cagaagcagc tggagtccaa taagatccca 480

gagctggaca tgactgaggt ggtggccccc ttcatggcca acatccctct cctcctctac 540

cctcaggacg gccccccgcag caagccccag ccaaaggata atggggacgt ttgccaggac 600

tgcattcaga tggtgactga catccagact gctgtacgga ccaactccac ctttgtccag 660

gccttggtgg aacatgtcaa ggaggagtgt gaccgcctgg gccctggcat ggccgacata 720

tgcaagaact atatcagcca gtattctgaa attgctatcc agatgatgat gcacatgcaa 780

cccaaggaga tctgtgcgct ggttgggttc tgtgatgagg tgaaagagat gcccatgcag 840

actctggtcc ccgccaaagt ggcctccaag aatgtcatcc ctgccctgga actggtggag 900

cccattaaga agcacgaggt cccagcaaag tctgatgttt actgtgaggt gtgtgaattc 960

ctggtgaagg aggtgaccaa gctgattgac aacaacaaga ctgagaaaga aatactcgac 1020

gcttttgaca aaatgtgctc gaagctgccg aagtccctgt cggaagagtg ccaggaggtg 1080

gtggacacgt acggcagctc catcctgtcc atcctgctgg aggaggtcag ccctgagctg 1140

gtgtgcagca tgctgcacct ctgctctggc acgcggctgc ctgcactgac cgttcacgtg 1200

actcagccaa aggacggtgg cttctgcgaa gtgtgcaaga agctggtggg ttatttggat 1260
cgcaacctgg agaaaaacag caccaagcag gagatcctgg ctgctcttga gaaaggctgc 1320
agcttcctgc cagaccctta ccagaagcag tgtgatcagt ttgtggcaga gtacgagccc 1380
gtgctgatcg agatcctggt ggaggtgatg gatccttcct tcgtgtgctt gaaaattgga 1440
gcctgcccct cggcccataa gcccttgttg ggaactgaga agtgtatatg gggcccaagc 1500
tactggtgcc agaacacaga gacagcagcc cagtgcaatg ctgtcgagca ttgcaaacgc 1560
catgtgtgga actag 1575

<210> 1859
<211> 1527
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 1859
ggcccggtcc ttggactgaa agaatgcacc aggggctcgg cagtgtggtg ccagaatgtg 60
aagacggcgt ccgactgcgg ggcagtgaag cactgcctgc agaccgtttg gaacaagcca 120
acagtgaaat cccttccctg cgacatatgc aaagacgttg tcaccgcagc tggtgatatg 180
ctgaaggaca atgccactga ggaggagatc cttgtttact tggagaagac ctgtgactgg 240
cttccgaaac cgaacatgtc tgcttcatgc aaggagatag tggactccta cctccctgtc 300
atcctggaca tcattaaagg agaaatgagc cgtcctgggg aggtgtgctc tgctctcaac 360

ctctgcgagt ctctccagaa gcacctagca gagctgaatc accagaagca gctggagtcc 420
aataagatcc cagagctgga catgactgag gtggtggccc ccttcatggc caacatccct 480
ctcctcctct accctcagga cggccccccgc agcaagcccc agccaaagga taatggggac 540
gtttgccagg actgcattca gatggtgact gacatccaga ctgctgtacg gaccaactcc 600
acctttgtcc aggccttggt ggaacatgtc aaggaggagt gtgaccgcct gggccctggc 660
atggccgaca tatgcaagaa ctatatcagc cagtattctg aaattgctat ccagatgatg 720
atgcacatgc aacccaagga gatctgtgcg ctggttgggt tctgtgatga ggtgaaagag 780

atgcccatgc agactctggt ccccgccaaa gtggcctcca agaatgtcat ccctgccctg 840
gaactggtgg agcccattaa gaagcacgag gtcccagcaa agtctgatgt ttactgtgag 900
gtgtgtgaat tcctggtgaa ggaggtgacc aagctgattg acaacaacaa gactgagaaa 960
gaaatactcg acgcttttga caaaatgtgc tcgaagctgc cgaagtccct gtcggaagag 1020
tgccaggagg tggtggacac gtacggcagc tccatcctgt ccatcctgct ggaggaggtc 1080

agccctgagc tggtgtgcag catgctgcac ctctgctctg gcacgcggct gcctgcactg 1140

accgttcacg tgactcagcc aaaggacggt ggcttctgcg aagtgtgcaa gaagctggtg 1200

ggttatttgg atcgcaacct ggagaaaaac agcaccaagc aggagatcct ggctgctctt 1260

gagaaaggct gcagcttcct gccagaccct taccagaagc agtgtgatca gtttgtggca 1320

gagtacgagc ccgtgctgat cgagatcctg gtggaggtga tggatccttc cttcgtgtgc 1380

ttgaaaattg gagcctgccc ctcggcccat aagcccttgt tgggaactga gaagtgtata 1440

tggggcccaa gctactggtg ccagaacaca gagacagcag cccagtgcaa tgctgtcgag 1500

cattgcaaac gccatgtgtg gaactag 1527

<210> 1860

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1860

tattagatct gatggccgc 19

<210> 1861

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 1861

ctccatcact aggggttcct 20

<210> 1862

<211> 145

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 1862

aggaacccct agtgatggag ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg 60

ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc 120

gagcgcgcag agagggagtg gccaa 145

<210> 1863

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1863

tattagatct gatggccgcg 20

<210> 1864

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1864

tccatcacta ggggttcctg 20

<210> 1865

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 1865

acaaacacca ttgtcacact cca 23

<210> 1866

<211> 71

<212> DNA

<213> Unknown

<220><221> source

<223> /note="Description of Unknown:

miR122 binding site sequence"

<400> 1866

acaaacacca ttgtcacact ccacacaaac accattgtca cactccacac aaacaccatt 60

gtcacactcc a 71

<210> 1867

<211> 24

<212> DNA

<213> Unknown

<220><221> source

<223> /note="Description of Unknown:

miR182 binding site sequence"

<400> 1867

agtgtgagtt ctaccattgc caaa 24

<210> 1868

<211> 23

<212> DNA

<213> Unknown

<220><221> source

<223> /note="Description of Unknown:

miR96 binding site sequence"

<400> 1868

agcaaaaatg tgctagtgcc aaa 23

<210> 1869

<211> 23

<212> DNA

<213> Unknown

<220><221> source

<223> /note="Description of Unknown:

miR-142-3p binding site sequence"

<400> 1869

tccataaagt aggaaacact aca 23

<210> 1870

<211> 3571

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1870

ctgcgcgctc gctcgctcac tgaggccgcc cgggcaaagc ccgggcgtcg ggcgaccttt 60

ggtcgcccgg cctcagtgag cgagcgagcg cgcagagagg gagtggccaa ctccatcact 120

aggggttcct tgtagttaat gattaacccg ccatgctact tatctaccag ggtaatgggg 180

atcctctaga actatagcta gtcgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgcct ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtgta tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggt aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttggcag tacatctacg tattagtcat cgctattacc atgtcgaggc cacgttctgc 600

ttcactctcc ccatctcccc cccctcccca cccccaattt tgtatttatt tatttttaa 660

ttattttgtg cagcgatggg ggcgggggggg gggggcgcgc gccaggcggg gcggggcggg 720

gcgaggggcg gggcggggcg aggcggagag gtgcggcggc agccaatcag agcggcgcgc 780

tccgaaagtt tccttttatg gcgaggcggc ggcggcggcg gccctataaa aagcgaagcg 840

cgcggcgggc gggagcaagc ttcgtttagt gaaccgtcag atcgcctgga gacgccatcc 900

acgctgtttt gacctccata gaagacaccg ggaccgatcc agcctccgcg gattcgaatc 960

ccggccggga acggtgcatt ggaacgcgga ttccccgtgc caagagtgac gtaagtaccg 1020

cctatagagt ctataggccc acaaaaaatg ctttcttctt ttaatatact tttttgttta 1080

tcttatttct aatactttcc ctaatctctt tctttcaggg caataatgat acaatgtatc 1140

atgcctcttt gcaccattct aaagaataac agtgataatt tctgggttaa ggcaatagca 1200

atatttctgc atataaatat ttctgcatat aaattgtaac tgatgtaaga ggtttcatat 1260

tgctaatagc agctacaatc cagctaccat tctgctttta ttttatggtt gggataaggc 1320

tggattattc tgagtccaag ctaggccctt ttgctaatca tgttcatacc tcttatcttc 1380

ctcccacagc tcctgggcaa cgtgctggtc tgtgtgctgg cccatcactt tggcaaagaa 1440

ttgggattcg aaccggtgcc gccaccatgg agttttcaag tccttccaga gaggaatgtc 1500

ccaagccttt gagtagggta agcatcatgg ctggcagcct cacaggattg cttctacttc 1560

aggcagtgtc gtgggcatca ggtgcccgcc cctgcatccc taaaagcttc ggctacagct 1620

cggtggtgtg tgtctgcaat gccacatact gtgactcctt tgacccccg acctttcctg 1680

cccttggtac cttcagccgc tatgagagta cacgcagtgg gcgacggatg gagctgagta 1740

tggggcccat ccaggctaat cacacgggca caggcctgct actgaccctg cagccagaac 1800

agaagttcca gaaagtgaag ggatttggag gggccatgac agatgctgct gctctcaaca 1860

tccttgccct gtcacccccct gcccaaaatt tgctacttaa atcgtacttc tctgaagaag 1920

gaatcggata taacatcatc cgggtaccca tggccagctg tgacttctcc atccgcacct 1980

acacctatgc agacacccct gatgatttcc agttgcacaa cttcagcctc ccagaggaag 2040

ataccaagct caagataccc ctgattcacc gagccctgca gttggcccag cgtcccgttt 2100

cactccttgc cagcccctgg acatcaccca cttggctcaa gaccaatgga gcggtgaatg 2160

ggaaggggtc actcaaggga cagcccggag acatctacca ccagacctgg gccagatact 2220

ttgtgaagtt cctggatgcc tatgctgagc acaagttaca gttctgggca gtgacagctg 2280

aaaatgagcc ttctgctggg ctgttgagtg gataccctt ccagtgcctg ggcttcaccc 2340

ctgaacatca gcgagacttc attgcccgtg acctaggtcc taccctcgcc aacagtactc 2400

accacaatgt ccgcctactc atgctggatg accaacgctt gctgctgccc cactgggcaa 2460

aggtggtact gacagaccca gaagcagcta aatatgttca tggcattgct gtacattggt 2520

acctggactt tctggctcca gccaaagcca ccctagggga gacacaccgc ctgttcccca 2580

acaccatgct ctttgcctca gaggcctgtg tgggctccaa gttctgggag cagagtgtgc 2640

ggctaggctc ctgggatcga gggatgcagt acagccacag catcatcacg aacctcctgt 2700

accatgtggt cggctggacc gactggaacc ttgccctgaa ccccgaagga ggacccaatt 2760

gggtgcgtaa ctttgtcgac agtcccatca ttgtagacat caccaaggac acgttttaca 2820

aacagcccat gttctaccac cttggccact tcagcaagtt cattcctgag ggctcccaga 2880

gagtggggct ggttgccagt cagaagaacg acctggacgc agtggcactg atgcatcccg 2940

atggctctgc tgttgtggtc gtgctaaacc gctcctctaa ggatgtgcct cttaccatca 3000

aggatcctgc tgtgggcttc ctggagacaa tctcacctgg ctactccatt cacacctacc 3060

tgtggcgtcg ccagtagtaa cctcgaggta ccaggagctc ttctcctagt gaattctacc 3120

agtgccatag atagttaagt gaattctacc agtgccatag atagttaagt gaattctacc 3180

agtgccatag atagttaagt gaattctacc agtgccatac tgcagtcagg tctataccat 3240

cgaggacggg gtgaactacg cctgaggatc cgatcttttt ccctctgcca aaaattatgg 3300

ggacatcatg aagccccttg agcatctgac ttctggctaa taaaggaaat ttattttcat 3360

tgcaatagtg tgttggaatt ttttgtgtct ctcactcggc ctaggtagat aagtagcatg 3420

gcgggttaat cattaactac aaggaacccc tagtgatgga gttggccact ccctctctgc 3480

gcgctcgctc gctcactgag gccgggcgac caaaggtcgc ccgacgcccg ggctttgccc 3540

gggcggcctc agtgagcgag cgagcgcgca g 3571

<210> 1871

<211> 50

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> SITE

<222> (1)..(50)

<223> /note="This sequence may encompass 1-10 'Gly Gly Gly Gly Ser' repeating units"

<220>

<221> source

<223> /note="See specification as filed for detailed description of substitutions and preferred embodiments"

<400> 1871

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

20 25 30

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

35 40 45

Gly Ser

50

<210> 1872

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<220><221> SITE

<222> (1)..(40)

<223> /note="This sequence may encompass 0-8 'Gly Gly Gly Gly Ser' repeating units"

<220>

<221> source

<223> /note="See specification as filed for detailed description of substitutions and preferred embodiments"

<400> 1872

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
20 25 30

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
35 40

<210> 1873

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 1873

ggtggtggtg gtagcggcgg cggcggctct ggtggtggtg gatcc 45