(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2023년11월23일
(11) 등록번호 10-2604510
(24) 등록일자 2023년11월16일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C12N 15/86 (2006.01) *A61K 48/00* (2006.01)
A61P 21/00 (2006.01)
(52) CPC특허분류
C12N 15/86 (2013.01)
A61K 48/00 (2013.01)
(21) 출원번호 10-2019-7001930
(22) 출원일자(국제) 2017년07월25일
심사청구일자 2020년07월23일
(85) 번역문제출일자 2019년01월21일
(65) 공개번호 10-2019-0032375
(43) 공개일자 2019년03월27일
(86) 국제출원번호 PCT/US2017/043703
(87) 국제공개번호 WO 2018/022608
국제공개일자 2018년02월01일
(30) 우선권주장
62/366,838 2016년07월26일 미국(US)
(56) 선행기술조사문헌
WO2006119432 A2*
Proc. Natl. Acad. Sci. USA, Vol.97, No.25, pp.13714-13719(2000.12.05.)*
KR1020100065284 A*
*는 심사관에 의하여 인용된 문헌

(73) 특허권자
바이오마린 파머수티컬 인크.
미합중국, 캘리포니아 94949, 노바토, 디지털 드라이브 105
(72) 발명자
콜로시, 피터, 카메론
미국 캘리포니아 94949, 노바토, 디지털 드라이브 105
로취리, 마이클
미국 캘리포니아 94949, 노바토, 디지털 드라이브 105
엔지, 로버트
미국 캘리포니아 94949, 노바토, 디지털 드라이브 105
(74) 대리인
김영철, 김 순 영

전체 청구항 수 : 총 31 항 심사관 : 전명숙

(54) 발명의 명칭 **신규 아데노-관련 바이러스 캡시드 단백질**

(57) 요 약

본 발명은 신규한 아데노-관련 바이러스 (AAV) 캡시드 단백질에 관한 것으로, 상기 AAV 입자는 신규한 캡시드 단백질, 이들 캡시드 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오티드, 및 이들 캡시드 단백질을 발현하는 AAV 벡터를 포함한다. 본 발명은 또한 본 발명의 신규한 캡시드 단백질을 발현하는 본원에 기재된 AAV 벡터의 제조 방법, 및 이의 치료 용도와 관련된다.

(52) CPC특허분류
A61P 21/00 (2018.01)
C07K 14/005 (2013.01)
C12N 2750/14122 (2013.01)
C12N 2750/14143 (2013.01)
C12N 2750/14144 (2013.01)
C12N 2799/025 (2013.01)

명 세 서

청구범위

청구항 1

캡시드 단백질 및 전이 유전자를 포함하는 아데노-관련 바이러스(AAV)로서, 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열 번호 28의 VP1 영역, (ii) 서열 번호 28의 VP2 영역, 또는 (iii) 서열 번호 28의 VP3 영역과 적어도 98% 일치하는 아미노산 서열을 포함하고, 상기 전이 유전자는 숙주 세포에서 이종 유전자의 발현을 조절하는 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이종 유전자를 포함하며, 상기 캡시드 단백질은 서열번호 28의 가변 영역(VR) VR-I, VR-Ⅱ, VR-Ⅲ, VR-Ⅳ, VR-V, VR-VI 및 VR-IX을 포함하는, 아데노-관련 바이러스 (AAV).

청구항 2

제1항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열번호 28의 VP1 영역; (ii) 서열번호 28의 VP2 영역; 또는 (iii) 서열번호 28의 VP3 영역과 적어도 99% 일치하는 아미노산 서열을 포함하는, AAV.

청구항 3

제1항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열번호 28의 VP1 영역; (ii) 서열번호 28의 VP2 영역; 또는 (iii) 서열번호 28의 VP3 영역과 동일한 아미노산 서열을 포함하는, AAV.

청구항 4

제1항에 있어서, 상기 AAV는 (i) 서열번호 28의 VP1 영역을 포함하는 캡시드 단백질, (ii) 서열번호 28의 VP2 영역을 포함하는 캡시드 단백질, 및 (iii) 서열번호 28의 VP3 영역을 포함하는 캡시드 단백질을 포함하는, AAV.

청구항 5

제1항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 서열번호 28의 가변 영역(VR) VR-I 내지 VR-IX를 포함하는, AAV.

청구항 6

제1항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 서열번호 28의 VP1 영역과 적어도 98% 일치하는 아미노산 서열을 포함하는, AAV.

청구항 7

제1항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 서열번호 28의 VP1 영역과 적어도 99% 일치하는 아미노산 서열을 포함하는, AAV.

청구항 8

제1항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 서열번호 28의 VP1 영역의 아미노산 서열을 포함하는, AAV.

청구항 9

제1항에 있어서, 상기 AAV는 AAV 역전된 말단 반복부(ITR)를 추가로 포함하며, 상기 전이유전자는 AAV ITR의 측면에 위치하는, AAV.

청구항 10

제1항 내지 제9항 중 어느 한 항의 AAV, 및 생리학적으로 양립가능한 담체를 포함하는, 조성물.

청구항 11

제1항 내지 제9항 중 어느 한 항의 AAV를 포함하는, 전이유전자를 세포에 전달하기 위한 조성물.

청구항 12

제11항에 있어서, 상기 세포는 근육 세포인, 조성물.

청구항 13

제11항에 있어서, 상기 전이유전자는 마이크로디스트로핀 단백질을 암호화하는, 조성물.

청구항 14

제1항 내지 제9항 중 어느 한 항에 정의된 AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는, 벡터.

청구항 15

제14항에 있어서, 상기 핵산 서열은 숙주 세포에서 캡시드 단백질의 발현을 조절하는 이종 조절 서열에 작동가능하게 연결된, 벡터.

청구항 16

제14항의 벡터를 포함하는, 시험관 내(in vitro) 세포.

청구항 17

제1항 내지 제9항 중 어느 한 항의 AAV를 포함하는, 근육 관련 질병 또는 질환 치료용 조성물.

청구항 18

제1항 내지 제9항 중 어느 한 항의 AAV를 포함하는, 내인성 단백질의 비정상적인 활성과 연관된 질병 또는 질환 치료용 조성물로서, 상기 전이유전자는 기능성 유전자 생성물(product)을 암호화하는, 조성물.

청구항 19

제18항에 있어서, 상기 질병 또는 질환은 뒤센 근이영양증이고, 상기 전이유전자는 마이크로디스트로핀 단백질을 암호화하는, 조성물.

청구항 20

아데노-관련 바이러스(AAV) 바이러스 입자를 생산하는 방법으로서,

(a) 세포 배양액에서 AAV 바이러스 입자를 생산하기 위해 시험관 내 세포를 배양하는 단계로서, 상기 시험관 내 세포는 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산 서열, AAV rep 단백질을 암호화하는 핵산 서열, 및 전이유전자를 포함하는 핵산 서열을 포함하고, 상기 전이유전자는 상기 시험관 내 세포에서 이종 유전자의 발현을 조절하는 이종 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이종 유전자를 포함하며, 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열 번호 28의 VP1 영역, (ii) 서열 번호 28의 VP2 영역, 또는 (iii) 서열 번호 28의 VP3 영역과 적어도 98% 일치하는 아미노산 서열을 포함하고, 상기 캡시드 단백질은 서열번호 28의 가변 영역(VR) VR-I, VR-Ⅱ, VR-Ⅲ, VR-Ⅳ, VR-V, VR-VI 및 VR-Ⅸ을 포함하는 단계; 및

(b) 상기 세포 배양액으로부터 AAV 바이러스 입자를 수집하는 단계;를 포함하는, 방법.

청구항 21

제20항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열번호 28의 VP1 영역; (ii) 서열번호 28의 VP2 영역; 또는 (iii) 서열번호 28의 VP3 영역과 적어도 99% 일치하는 아미노산 서열을 포함하는, 방법.

청구항 22

제20항에 있어서, 상기 AAV 캡시드 단백질은 (i) 서열번호 28의 VP1 영역; (ii) 서열번호 28의 VP2 영역; 또는 (iii) 서열번호 28의 VP3 영역과 동일한 아미노산 서열을 포함하는, 방법.

청구항 23

제20항에 있어서, 상기 시험관 내 세포는 무척추동물 세포, 곤충 세포 또는 포유동물 세포인, 방법.

청구항 24

제20항에 있어서, 상기 시험관 내 세포는 HEK293, HeLa, CHO, NSO, SP2/0, PER.C6, Vero, RD, BHK, HT-1080,

A549, Cos-7, ARPE-19 및 MRC-5로부터 선택된 포유동물 세포인, 방법.

청구항 25

제20항에 있어서, 상기 시험관 내 세포는 하이 파이브 (High Five), Sf9, Se301, SeIZD2109, SeUCR1, Sf900+, Sf21, Bti-tn-5b1-4, MG-1, Tn368, HzAm1, BM-N, Ha2302, Hz2E5 및 Ao38로부터 선택된 곤충 세포인, 방법.

청구항 26

제20항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 서열 번호 28의 VP1 영역과 적어도 98% 일치하는, 방법.

청구항 27

제20항에 있어서, 상기 캡시드 단백질은 서열 번호 28의 VP1 영역과 동일한, 방법.

청구항 28

제20항 내지 제27항 중 어느 한 항의 방법에 의해 생산된, 아데노-관련 바이러스 (AAV).

청구항 29

이종 아미노산 서열에 연결된 AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 시험관 내 세포로서, 상기 캡시드 단백질은 제1항 내지 제9항 중 어느 한 항에 정의된 것인, 시험관 내 세포.

청구항 30

제29항에 있어서, 상기 시험관 내 세포는 기능성 AAV rep 유전자를 더 포함하는, 시험관 내 세포.

청구항 31

제29항에 있어서, 상기 시험관 내 세포는 곤충 세포 또는 포유동물 세포인, 시험관 내 세포.

청구항 32

삭제

청구항 33

삭제

청구항 34

삭제

청구항 35

삭제

청구항 36

삭제

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

청구항 40

삭제

청구항 41

삭제

청구항 42

삭제

청구항 43

삭제

청구항 44

삭제

청구항 45

삭제

청구항 46

삭제

청구항 47

삭제

청구항 48

삭제

청구항 49

삭제

청구항 50

삭제

청구항 51

삭제

청구항 52

삭제

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] 본 출원은 그 전체가 본원에 참고로 인용된 미국 가출원 제62/366,383호 (2017년 7월 26일자 출원)의 우선권 이점을 주장한다.

[0002] **발명의 분야**

[0003] 본 발명은 신규한 아데노-관련 바이러스 (AAV) 캡시드 단백질, 신규 캡시드 단백질을 포함하는 AAV 입자, 이들 캡시드 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 및 이들 캡시드 단백질을 발현하는 AAV 벡터에 관한 것이다. 본 발명은 또한 본 발명의 신규한 캡시드 단백질을 발현하는 본원에 기술된 AAV 벡터의 제조 방법 및 이의 관련

치료 용도에 관한 것이다.

배 경 기 술

[0004] 아데노-관련 바이러스 (AAV)는 복제-결여 파보바이러스이며, 이의 단일-가닥 DNA 게놈은 145개 뉴클레오타이드 역전된 말단 반복부 (ITR)를 포함하며, 약 4.7 kb 길이이다. AAV 혈청형 2 (AAV2) 게놈의 뉴클레오타이드 서열은 하기에 의하여 제시된다: Srviastava *et al., J. virol.*, 45: 555-564 (1983) (Ruffing *et al., J. Gen. virol.*, 75: 3385-3392 (1994)에 의하여 수정됨). 바이러스 DNA 복제 (rep), 캡시드화/패키징 및 숙주 세포 염색체 통합을 지시하는 시스-작용 서열이 ITR 내 포함된다. 3개 AAV 프로모터 (이들의 상대적 맵 위치에 대하여 p5, p19, 및 p40으로 칭명됨)는 rep 및 cap 유전자를 암호화하는 2개의 AAV 내부 개방 판독 프레임의 발현을 구동한다. 단일 AAV 인트론 (뉴클레오타이드 2107 및 2227에서의)의 차등적인 스플라이싱과 함께 2개의 rep 프로모터 (p5 및 p19)에 의해 rep 유전자 유래의 4개의 rep 단백질 (rep78, rep68, rep52 및 rep40)이 생성된다. Rep 단백질은 바이러스 게놈 복제에 궁극적인 원인으로 작용하는 다중 효소 특성을 갖는다. cap 유전자는 p40 프로모터로부터 발현되며, 이는 3개의 캡시드 단백질 VP1, VP2 및 VP3을 암호화한다. 대안적 스플라이싱 및 비-공통 번역 개시 부위는 3개의 관련 캡시드 단백질의 생산에 관여한다. 단일 공통 폴리아데닐화 부위는 AAV 게놈의 맵 위치 95에 위치한다. AAV의 생애 주기 및 유전학은 문헌[Muzyczka, *Current Topics in Microbiology and Immunology, 158*: 97-129 (1992)]에서 검토된다.

[0005] AAV가 인간 세포에 감염되면, 바이러스 게놈은 염색체 19에 통합되어 세포의 잠재 감염(latent infection)을 일으킬 수 있다. 세포가 헬퍼 바이러스 (예를 들어, 아데노 바이러스 또는 헤르페스 바이러스)에 감염되지 않으면, 감염 바이러스가 생성되지 않는다. 아데노 바이러스의 경우, 유전자 E1A, E1B, E2A, E4 및 VA는 헬퍼 기능을 제공한다. 헬퍼 바이러스에 감염되면, AAV 프로바이러스는 회복되고 증폭되며, AAV 및 아데노 바이러스 둘 다 생성된다.

[0006] AAV는, 예를 들어, 유전자 요법에서 세포에 외래 DNA를 전달하기 위한 벡터로서, 그리고 면역원성 펩타이드/폴리펩타이드를 발현하기 위한 백신 벡터로서, 이를 적당한 후보로 만드는 고유 특성을 갖는다. 배양중인 세포의 AAV 감염은 비-세포변성적이며, 인간과 기타 동물의 자연적 감염은 침묵성이고 무증상성이다. 더욱이, AAV는 다수의 포유동물 세포에 감염되어, *생체내* 다수의 상이한 조직들을 표적화할 가능성을 갖게 한다. AAV 프로바이러스 게놈은 플라스미드 내 클로닝된 DNA로서 감염되며, 이는 재조합 게놈의 작제를 실현가능하도록 한다. 또한, AAV 복제, 게놈 캡시드화, 및 통합을 지시하는 신호가 AAV 게놈의 ITR 내에 포함되기 때문에, (복제 및 구조 캡시드 단백질, rep-cap을 암호화하는) 게놈의 내부 약 4.3kb의 일부 또는 전부가 외래 DNA, 예컨대 프로모터, 관심 DNA, 및 폴리아데닐화 신호를 함유하는 유전자 카세트에 의해 대체될 수 있다. rep 및 cap 단백질은 트랜스 방식으로 제공될 수 있다. AAV의 또 다른 중요한 특징은, 이것이 매우 안정적이며 왕성한 바이러스라는 것이다. 이는 아데노바이러스를 비활성화시키는 조건 (수 시간 동안 56℃ 내지 65℃)을 용이하게 견딜 수 있게 하여, rAAV-벡터의 저온 보존의 중요성을 감소시킨다. AAV는 심지어 동결건조될 수도 있다. 마지막으로, AAV-감염된 세포는 중복감염(superinfection)에 내성을 갖지 않는다.

[0007] AAV 벡터는 수많은 포유동물 유전자 치료 응용 분야에서 사용되며, 유전자 치료 응용 분야에서 그 용도를 찾을 수 있는 새로운 및/또는 변형된 AAV 벡터 및 관련 바이러스에 대한 필요성이 있다. 본 발명은 본 발명의 신규한 AAV 캡시드 단백질 또는 기능성 키메라 조작된 AAV 캡시드 단백질, 및 이들 벡터 또는 캡시드 단백질을 포함하는 신규한 비-자연발생적 AAV 비리온을 발현하는 신규한 AAV 벡터를 제공한다.

발명의 내용

[0008] **발명의 개요**

[0009] 본 발명은 신규한 AAV 캡시드 단백질, 및 상기 AAV 바이러스의 유전자 치료 용도, 및 유전자 치료용 약제의 제조를 위한 용도를 제공하며, 상기 AAV 캡시드 단백질은 신규한 VP1, VP2 또는 VP3 캡시드 단백질, 이들 캡시드 단백질 중 어느 것을 포함하는 비-자연발생적 AAV 바이러스일 수 있다. 일부 구현예에서, AAV 캡시드 단백질은 다양한 포유동물 조직들로부터 단리 및 식별되었다. 특정의 신규 포유동물 유래 AAV 캡시드 VP1 단백질의 아미노산 서열은 서열 번호 15 내지 89로서 제시되고, 또한 각각의 VP2 및 VP3 서열의 관련 위치도 본 명세서에 기재되어 있다. 또한, 본 발명은 하나의 AAV 캡시드 서열로부터 유래된 골격 아미노산 서열 및 적어도 하나의 상이한 AAV 캡시드 서열로부터 유래된 캡시드 단백질 서열의 단편을 갖는 신규한 조작된 키메라 AAV 캡시드 단백질을 제공한다. 예시적인 조작된 키메라 AAV 캡시드 VP1 단백질의 아미노산 서열은 서열 번호 90 내지 157로서 제시된다. 종합적으로, 신규 캡시드 단백질은 본원에서 "본 발명의 AAV 캡시드 단백질"로 지칭된다. 본원에 기

술된 어느 조성물에 관하여 사용될 때 "비-천연발생적(non-naturally occurring)"이란 용어는 상기 조성물이 천연 생성물이 아니라 오히려 재조합 또는 다른 수단에 의해 인위적으로 합성됨을 의미한다.

[0010] 일 구현예에서, 본 발명은 캡시드 단백질을 갖는 아데노-관련 바이러스 (AAV) 및 벡터를 제공하며, 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열 번호 15-89 중 어느 하나, (ii) 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP2 영역, 또는 (iii) 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP3 영역과 적어도 95% 일치하는 아미노산 서열 및 추가로 전이유전자를 갖고, 상기 전이유전자는 숙주 세포 내 이종 유전자의 발현을 조절하는 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이종 유전자로 구성된다. 또 다른 구현예에서, 캡시드 단백질은 (i) 서열 번호 15 내지 89 중 어느 하나, (ii) 서열 번호 15 내지 89 중 어느 하나의 VP2 영역, 또는 (iii) 서열 번호 15 내지 89 중 어느 하나의 VP3 영역의 아미노산 서열을 갖는다. 또 다른 구현예에서, AAV는 AAV 역전된 말단 반복 서열을 갖는다. 추가의 구현예에서, AAV는 생리학적으로 양립가능한 담체와 혼합된다.

[0011] 또 다른 구현예에서, 본 발명은 키메라 캡시드 단백질이 가변 영역 Ⅰ, Ⅱ, Ⅲ, Ⅳ, Ⅴ, Ⅵ, Ⅶ 및 Ⅷ을 갖는 수령체 골격 AAV 캡시드의 VP1 아미노산 서열을 갖는 키메라 캡시드 단백질을 갖는 벡터 및 AAV를 제공하며, 단, 상기 가변 영역 Ⅰ, Ⅱ, Ⅲ, Ⅳ, Ⅴ, Ⅵ, Ⅶ, Ⅷ 및 Ⅸ 중 하나 이상이 하나 이상의 공여체 AAV 캡시드로부터의 상응하는 가변 영역으로 대체된다. 또 다른 구현예에서, 수령체 캡시드의 하나의 가변 영역만이 공여체 캡시드로부터의 상응하는 가변 영역으로 대체된다. 추가의 구현예에서, 수령체 캡시드의 둘 이상의 가변 영역은 단일 공여체 AAV 캡시드의 상응하는 가변 영역으로 대체된다. 또 다른 구현예에서, 수령체 AAV 캡시드의 2개 이상의 가변 영역은 2개 이상의 공여체 AAV 캡시드로부터의 상응하는 가변 영역으로 대체된다. 또 다른 구현예에서, 수령체 AAV 캡시드의 9개의 가변 영역 모두가 단일 공여체 캡시드의 상응하는 가변 영역으로 대체된다. 또 다른 구현예에서, 수령체 AAV 캡시드는 GBS 영역 또는 GH 루프 영역을 갖고, GBS 영역 또는 GH 루프 영역은 하나 이상의 공여체 AAV 캡시드로부터의 상응하는 영역으로 대체된다. 또 다른 구현예에서, 수령체 AAV 캡시드의 모든 9개의 가변 영역 및 GBS 영역은 하나 이상의 공여체 AAV 캡시드로부터의 상응하는 가변 영역 및 GBS 영역으로 대체된다. 또 다른 구현예에서, 수령체 AAV 캡시드의 모든 9개의 가변 영역 및 GBS 영역은 둘 이상의 공여체 AAV 캡시드로부터의 상응하는 영역 및 GBS 영역으로 대체된다. 또 다른 구현예에서, 수령체 AAV 캡시드의 GH 루프는 공여체 AAV 캡시드로부터의 상응하는 GH 루프 영역으로 대체된다. 또 다른 구현예에서, 수령체 AAV 캡시드의 모든 9개의 가변 영역 및 GH 루프 영역은 하나 이상의 공여체 AAV 캡시드로부터의 상응하는 가변 영역 및 GH 루프 영역으로 대체된다. 일 구현예에서, 수령체 AAV 캡시드 서열은 서열 번호 1 내지 14 중 어느 하나이고, 공여체 AAV 캡시드 서열은 서열 번호 1 내지 14 중 어느 하나로부터 선택되며, 수령체 AAV 캡시드 및 공여체 AAV 캡시드는 서로 상이하다. 또 다른 구현예에서, 수령체 AAV 캡시드 서열은 서열 번호 1 내지 89 중 어느 하나이고, 공여체 AAV 캡시드 서열은 서열 번호 1 내지 89 중 어느 하나로부터 선택되며, 수령체 AAV 캡시드 및 공여체 AAV 캡시드는 서로 상이하다. 또 다른 구현예에서, 키메라 캡시드는 서열 번호 90 내지 157 중 어느 하나의 아미노산 서열을 갖는다.

[0012] 또 다른 구현예에서, 본 발명은 본원에 개시된 어느 AAV와 세포를 접촉시키는 단계를 포함하는, 세포에 전이유전자를 전달하는 방법을 제공한다. 또 다른 구현예에서, 본 발명은 본원에 기재된 AAV의 유효량을 피험체에게 투여하는 단계를 포함하는, 내인성 단백질의 비정상 활성과 관련된 장애 또는 질환으로부터 환자를 치료하는 방법을 제공하며, 여기서 AAV는 단백질의 생물학적 활성 사본을 암호화하는 전이유전자를 갖는다. 또 다른 구현예에서, 상기 방법은 근육 세포에 전이유전자를 전달하는 단계를 포함한다. 추가의 구현예에서, 질환은 뒤센 근이영양증 (Duchenne dystrophy)이고, 전이유전자는 마이크로디스트로핀 (microdystrophin)을 암호화한다.

[0013] 일 구현예에서, 본 발명은 세포에 전이유전자를 전달하기 위한, 본원에 개시된 벡터 또는 AAV를 포함하는 조성물을 제공한다. 또 다른 구현예에서, 본 발명은 내인성 단백질의 비정상적인 활성과 관련된 장애 또는 질환의 치료를 위한, 본원에 개시된 유효량의 벡터 또는 AAV를 포함하는 조성물을 제공하며, 여기서 AAV의 벡터는 단백질의 생물학적 활성 사본을 암호화하는 전이유전자를 갖는다. 또 다른 구현예에서, 조성물은 근육 세포에 전이유전자를 전달한다. 추가의 구현예에서, 질환은 뒤센 근이영양증이고, 전이유전자는 마이크로디스트로핀을 암호화한다.

[0014] 본 발명은 또한 본원에 개시된 벡터 또는 AAV의, 내인성 단백질의 비정상적인 활성과 관련된 장애 또는 질환을 앓고 있는 피험체를 치료하는데 효과적인 약제의 제조를 위한 용도를 제공하며, 여기서 상기 벡터 또는 AAV는 단백질의 생물학적 활성 사본을 암호화하는 전이유전자를 갖는다. 또 다른 구현예에서, 약제는 근육 세포에 전이유전자를 전달한다. 추가의 구현예에서, 질환은 뒤센 근이영양증이고, 전이유전자는 마이크로디스트로핀을 암호화한다.

[0015] 본 발명은 AAV 캡시드 단백질의 생물학적 활성을 보유하는 본 발명의 어느 AAV 캡시드 단백질의 단편을 제공한다. 예시적인 단편은 캡시드 단백질의 VP2 및 VP3 스플라이싱 변이체, 및 캡시드 단백질의 가변 영역 (VR) 및/또는 캡시드 단백질의 글리칸 결합 서열 (GBS) 및/또는 GH 루프 중 하나 이상을 포함하는 단편을 포함한다. 본 발명은 또한, 캡시드 단백질 단편, 및 구체적으로 정의된 캡시드 단백질 단편에 적어도 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 또는 99%의 서열 동일성을 갖는, 캡시드 단백질 단편을 포함하는 신규한 비-자연발생적 AAV 입자를 제공한다.

[0016] 일 구현예에서, 본 발명은, 단리된 아데노-관련 바이러스 (AAV) 캡시드 단백질을 제공하며, 여기서 상기 캡시드 단백질은 하기를 포함한다: (i) 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP1 아미노산 서열 또는 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP2 또는 VP3 영역에 적어도 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 일치하는 아미노산 서열, 또는 (ii) 서열 번호 15-89 중 어느 하나를 포함하는 VP1 아미노산 서열 또는 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP2 또는 VP3 영역. 특정 구현예에서, 캡시드 단백질은 이종 아미노산 서열에 연결된다. 본 발명은 또한 이들 캡시드 단백질 중 어느 것을 갖거나 포함하는 비-자연발생적 AAV 입자를 제공한다. 특정 구현예에서, 상기 기재된 VP1, VP2 또는 VP3 캡시드 단백질 중 어느 것을 포함하는 비-자연발생적 AAV 입자는 숙주 세포에서 이종 유전자의 발현을 지시하는 조절 유전자에 작동가능하게 연결된 이종 유전자를 포함하는 이식 유전자 및 AAV 역전 말단 반복부를 갖는 핵산을 포함한다. 기타 구현예에서, 본원에 기재된 어느 VP1, VP2 또는 VP3 캡시드 서열을 포함하는 비-자연발생적 AAV 입자는 숙주 세포에서 전이유전자 발현을 조절하는 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이종 전이유전자를 포함한다. 본원에 사용된 용어 "이종 유전자(heterologues gene)" 또는 "이종 조절 서열"은 언급된 유전자 또는 조절 서열이 자연적으로 AAV 벡터 또는 입자에 존재하지 않고 인위적으로 도입됨을 의미한다. 용어 "전이유전자(transgene)"는 이종 유전자와 숙주 세포에서 그 유전자의 발현을 조절하는 이종 유전자에 작동가능하게 연결된 조절 서열 모두를 포함하는 핵산을 지칭한다.

[0017] 본 발명은 또한, 아데노-관련 바이러스 (AAV) 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 폴리뉴클레오타이드를 제공하며, 여기서 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP1 아미노산 서열 또는 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP2 또는 VP3 영역에 적어도 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 일치하는 아미노산 서열, 또는 (ii) 서열 번호 15-89 중 어느 하나를 포함하는 VP1 아미노산 서열 또는 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP2 또는 VP3 영역을 포함하며, 여기서 상기 폴리뉴클레오타이드는 이종 조절 제어 서열에 작동가능하게 연결된다. 이와 같이, 본 발명의 폴리뉴클레오타이드는 자연 발생하지 않는 것으로 이해된다. 본 발명은 또한 이종 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이들 폴리뉴클레오타이드 서열 중 어느 것을 포함하는 AAV 벡터 및 이들 AAV 벡터를 포함하는 조성물(약학적 조성물을 포함)을 제공한다.

[0018] 또 다른 구현예에서, 본 발명은 캡시드 단백질 및 이종 전이유전자 서열을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 단리된 아데노-관련 바이러스 (AAV) 벡터를 제공하며, 여기에서 상기 캡시드 단백질은 (i) 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP1 아미노산 서열 또는 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP2 또는 VP3 영역과 적어도 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 일치하는 아미노산 서열, 또는 (ii) 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP1 아미노산 서열 또는 서열 번호 15-89 중 어느 하나의 VP2 또는 VP3 영역을 포함한다. 본 발명은 또한 이들 AAV 벡터를 포함하는 조성물(약학적 조성물을 포함)을 제공한다.

[0019] 본 발명은 또한, AAV VP1 캡시드 서열이 9개의 상이한 가변 영역, GBS 영역 및 GH 루프 영역을 포함하며, 하나의 AAV VP1 캡시드 서열 내 이들 영역 중 하나 이상을 적어도 제2의 상이한 AAV VP1 캡시드 서열 유래의 상응한 영역(들)로 대체함으로서, 이의 관련 AAV가 작용성이 되고 세포를 형질도입하고, 그리고 이종 전이유전자를 전달할 수 있고, 그리고 키메라 AAV로 재조합 가공될 수 있는 고유 특성을 갖는, 신규한 키메라 AAV 캡시드를 생성할 수 있다는, 본원에 기술된 신규한 발견을 기반으로 한다. 다양한 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역과 관련하여, 용어 "상응하는(corresponding)"은 2개의 상이한 AAV 캡시드 서열들 사이의 동일한 영역을 의미한다. 예를 들어, 제1 AAV 캡시드 서열에서 VR I에 "상응"하는 영역은 제2 상이한 AAV 캡시드 서열에서 동일한 영역(즉, VR I 영역)이다. AAV 캡시드 서열과 관련하여 용어 "키메라"는 관심있는 AAV 캡시드 서열이 2개 이상의 상이한 AAV 캡시드 서열로부터 유래된 아미노산 서열들을 포함한다는 사실을 지칭한다.

[0020] 이와 같이, 본 발명은 또한 단리된, 비-자연발생적 키메라 아데노-관련 바이러스 (AAV) 캡시드 단백질을 제공하며, 여기서 상기 키메라 캡시드 단백질은, 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 제2 AAV 캡시드 서열 유래의 가변 영역으로 대체된 적어도 하나의 가변 영역을 갖는 제1 AAV 캡시드 서열로부터 유래된 아미노산 서열을 포함한다. 제1 AAV 캡시드 서열 (본 명세서에서 "수령체"로 지칭됨)은 하나 이상의 가변 영역이 제2의 AAV 캡시드 서열(본원에서 "공여체"로 지칭됨)로부터의 하나 이상의 가변 영역에 의해 교환되거나 치환되는 골격 아미노산 서열을 제공한다. 제2 AAV 캡시드 서열은 제1 AAV 캡시드 서열과는 상이하고, 그리고 골격 또는 수령체 캡시드 서열

의 서열로 치환되거나 삽입되는 가변 영역(들)의 서열을 제공할 것이다. 본 발명은 또한 본원에 기재된 어느 키메라 캡시드 단백질을 포함하는 비-자연발생적 AAV 바이러스 또는 AAV 입자를 제공한다. 특정 구현예에서, 본원에 기술된 어느 키메라 캡시드 단백질을 포함하는 비-자연발생적 AAV 입자는 또한 숙주 세포에서 전이유전자 발현을 조절하는 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이종 전이유전자를 포함한다.

[0021] 공여체 AAV 캡시드 서열로부터 수령체 골격 캡시드 서열로 교환될 수 있는 "가변 영역(variable region)"은 AAV 캡시드 단백질의 VP1 서열 내의 9개의 가변 영역을 지칭한다. 가변 영역 (VR)은 본원에서 VR Ⅰ, VR Ⅱ, VR Ⅲ VR Ⅳ, VR Ⅴ, VR Ⅵ, VR Ⅶ, VR Ⅷ 및 VR Ⅸ로 언급되며, 다양한 VP1 서열에서 이들 각각의 위치가 본원에서 기재된다. VR은 AAV VP1 캡시드 서열 내에서 가장 빈번한(highest) 서열 및 구조적 변이를 나타내며 수용체 부착, 전이유전자의 전사 활성화, 조직 형질도입 및 항원성에서도 역할을 할 수 있다.

[0022] "글리칸 결합 서열 (GBS)" 또는 "GBS 도메인" 또는 "GBS 영역"은 바이러스 캡시드의 글리칸 결합 특이성을 제어하는, VR Ⅳ 및 VR Ⅴ 사이에 위치하는 아미노산 서열을 지칭한다. 다양한 AAV VP1 아미노산 서열에서의 GBS 영역의 위치가 본원에 기재되어 있고, 다른 AAV VP1 아미노산 서열 유래의 것들이 당업계에 공지되어 있고 및/또는 통상적으로 식별될 수 있다.

[0023] "GH 루프"는 캡시드 단백질의 내부 β-배럴 내에서 β-가닥 G 및 β-가닥 H가 측면에 위치하는 루프 서열을 지칭한다. "GH 루프" 서열은 포함된 GBS 서열 및 공여체로부터의 산재된 모든 보존된 골격 서열을 포함하는, 가변 영역 VR Ⅳ 내지 VR Ⅷ를 포함한다. 다양한 AAV VP1 아미노산 서열에서의 GH 루프 영역의 위치가 본원에 기재되어 있고, 다른 AAV VP1 아미노산 서열로부터의 것들이 통상적으로 식별될 수 있다.

[0024] 본원에서 기술된 VR, GBS 및 GH 루프 영역의 위치와 관련하여, 이들 영역의 N 말단 및/또는 C 말단의 위치는 본원 (특히 표 2)에서 명백하게 기술된 바와 같이 이들 아미노산 위치로부터 최대 1개 아미노산, 2개 아미노산, 3개 아미노산, 4개 아미노산 또는 5개 아미노산이 가변될 수 있다. 본원에서 정의된 N- 말단 및/또는 C- 말단상의 최대 5개의 아미노산이 가변될 수 있는 치환된 VR, GBS 및/또는 GH 루프 영역을 포함하는 신규한 캡시드 서열이 본 발명에 포함된다.

[0025] 일 구현예에서, 본 발명은 단리된 비-자연발생적 키메라 아데노-관련 바이러스 (AAV) 캡시드 단백질을 제공하며, 여기서 상기 키메라 캡시드 단백질은 적어도 제2의 상이한 AAV 캡시드 서열로부터 유래된 적어도 하나의 가변 영역으로 치환된 적어도 하나의 가변 영역을 갖는 제1 AAV 캡시드 서열로부터 유래된 아미노산 서열을 포함한다. 특정 구현예에서, 비-자연발생적 캡시드 단백질은 VP1 캡시드 단백질이다. 기타 구현예에서, 키메라 캡시드 단백질은 제1 수령체 AAV 캡시드 서열과 상이한 AAV 캡시드 서열로부터의 GBS 도메인 및/또는 GH 루프 영역을 추가로 포함한다. 예를 들어, 본 발명의 키메라 AAV 캡시드 단백질은 제1 AAV 캡시드 서열 (수령체) 및 제2 상이한 AAV 캡시드 서열 (공여체)로부터의 적어도 하나의 치환된 가변 영역에서 유래된 골격 서열을 갖는다. 특정 구현예에서, 본 발명의 키메라 AAV 캡시드 단백질은, 제1 수령체 캡시드 서열과 상이한 하나 이상의 공여체 AAV 캡시드(들)로부터의 가변 영역(들)으로 각각 치환된 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개 또는 9개 모두의 가변 영역을 갖는다. 기타 구현예에서, 본 발명의 AAV 캡시드 단백질은 수령체 캡시드 서열과는 상이한 공여 캡시드 서열로부터 유래된 GBS 도메인 또는 GH 루프 영역 서열을 갖는다. 대안적으로, 본 발명의 키메라 AAV 캡시드는 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 동일한 AAV 캡시드 서열로부터의 적어도 하나의 치환 가변 영역 및 GBS를 갖는다. 본 발명은 또한 본원에 기재된 어느 키메라 AAV 캡시드 단백질을 포함하는 비-자연발생적 AAV 입자를 제공한다. 이러한 AAV는 또한 숙주 세포에서 전이유전자의 발현을 조절하는 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이종 전이유전자를 포함할 수 있다.

[0026] 또한, 본 발명은 단리된 AAV 캡시드 단백질을 제공하며, 여기서 상기 캡시드 단백질은 제1 AAV 캡시드 서열로부터의 아미노산 서열을 포함하며, 상기 제1 AAV 캡시드 서열은 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 적어도 하나의 AAV 캡시드 서열로부터의 각각의 가변 영역으로 치환된 적어도 2개의 가변 영역, 또는 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 적어도 하나의 AAV 캡시드 서열로부터의 각각의 가변 영역으로 치환된 적어도 3개의 가변 영역, 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 적어도 하나의 AAV 캡시드 서열로부터의 각각의 가변 영역으로 치환된 적어도 4개의 가변 영역, 또는 제1 AAV 캡시드 서열과는 상이한 적어도 하나의 AAV 캡시드 서열로부터의 각각의 가변 영역으로 치환된 적어도 5개의 가변 영역, 또는 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 적어도 하나의 AAV 캡시드 서열로부터의 각각의 가변 영역으로 치환된 적어도 6개의 가변 영역, 또는 상기 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 적어도 하나의 AAV 캡시드 서열로부터의 각각의 가변 영역으로 치환된 적어도 7개의 가변 영역, 또는 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 적어도 하나의 AAV 캡시드 서열로부터의 각각의 가변 영역으로 치환된 적어도 8개의 가변 영역, 또는 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 적어도 하나의 AAV 캡시드 서열로부터의 각각의 가변 영역으로 치환된 적어도 2개

의 가변 영역을 갖는다. 예를 들어, 치환된 가변 영역(들)은 동일한 AAV 캡시드 서열로부터 유래되거나, 또는 치환된 가변 영역은 제1 AAV 캡시드 서열과 상이한 2개 이상의 상이한 AAV 캡시드 서열들로부터 유래한다. 또한, 본 발명의 이들 AAV 캡시드 단백질 중 어느 것에서, GBS 및/또는 GH 루프는 또한 치환되며, 제1 AAV 캡시드 서열과는 상이한 어느 AAV 공여체 캡시드 서열로부터 유래될 수 있다.

[0027] 본 발명의 어느 키메라 AAV 캡시드에서, 제1/수령체 AAV 캡시드 서열 및 제2/공여체 AAV 캡시드 서열은 예를 들어 하기 AAV 서열과 관련된 캡시드 서열을 포함하는 어느 공지되거나 본원에 기재된 AAV 캡시드 서열일 수 있다: AAV-1, AAV-2, AAV-3, AAV-3B, AAV-4, AAV-5, AAV-6, AAV-7, AAV-8, AAV-9, AAV-10, AAV-11, AAV- 12, AAV-13, AAVbo, AAVmo, AAV6.2, AAVRH.8, AAV4.10, AAVanc80L65 또는 AAVanc110 또는 어느 다른 AAV 혈청형 또는 본원에 기재된 캡시드 서열. 위형 rAAV의 생산은 예를 들어 WO 01/83692에 개시되어 있다. 다른 유형의 rAAV 변이체, 예를 들어 캡시드 돌연변이를 갖는 rAAV가 또한 고려된다. 예를 들어 하기를 참고한다: Marsic et al., *Molecular Therapy,* 22(11): 1900-1909 (2014).

[0028] 특정 구현예에서, 본 발명의 키메라 AAV 캡시드 단백질은 서열 번호 90 내지 157 중 어느 하나의 아미노산 서열을 포함할 수 있는데, 이들은 수령체 골격 서열에서 각각의 가변 영역(들)에 대해 교환된 공여체 AAV 혈청형으로부터의 하나 이상의 가변 영역을 각각 갖는다.

[0029] 본 발명의 어느 키메라 AAV 캡시드 단백질에서, 골격 서열 또는 제1 AAV 캡시드 서열로부터의 아미노산 서열은 서열 번호 1-73 중 어느 것의 아미노산 서열로부터 유래한다. 또한, 본 발명의 어느 키메라 AAV 캡시드 단백질에서, 제2의 AAV 혈청형으로부터의 공여체 서열 또는 아미노산 서열은 서열 번호 1-73 중 어느 것의 하나 이상의 가변 영역, GBS 도메인 및/또는 GH 루프의 아미노산 서열로부터 유래된다.

[0030] 또 다른 구현예에서, 본 발명은 본 발명의 조작된 키메라 AAV 캡시드 단백질 중 어느 것을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 단리된 폴리뉴클레오타이드 서열을 제공한다. 또한, 본 발명은 이들 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 단리된 AAV 벡터, 및 본 발명의 키메라 AAV 캡시드 단백질 중 어느 것을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 AAV 벡터를 제공한다. 본 발명은 또한 이들 AAV 벡터를 포함하는 조성물(약학적 조성물을 포함)을 제공한다. 본 발명은 또한 본원에 기재된 어느 비-자연발생적 천연 키메라 AAV 캡시드 단백질을 포함하는 AAV 바이러스를 제공한다.

[0031] 본 발명은 하기 단계들을 포함하는 재조합 아데노-관련 바이러스 (AAV) 입자의 생산 방법을 제공한다: 본 발명의 어느 AAV 벡터로 형질 감염된 세포를 배양하는 단계, 및 상기 형질전환된 세포의 상청액 유래의 재조합 AAV 입자를 회수하는 단계. 또한, 본 발명은 본 발명의 바이러스 벡터 또는 캡시드 단백질 중 어느 것을 포함하는 바이러스 입자 및 이들 바이러스 벡터를 포함하는 세포를 제공한다.

[0032] 본 발명의 일 구현예는, 숙주 세포 내 이종 유전자의 발현을 조절하는 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이종 유전자를 갖는 전이유전자에 측접한 5' 및 3' AAV 역전 말단 반복 서열을 갖는 제1 핵산 벡터, 및 AAV rep 및 cap 핵산 서열을 갖는 제2 핵산 벡터를 도입한 바이러스 생산 세포를 배양함에 의하여, 그리고 바이러스 생산 세포 배양물의 상청액으로부터 AAV를 회수함에 의하여, 본원에 기술된 재조합 AAV 중 어느 것을 생산하는 방법이 제공되며, 상기 cap 핵산 서열은 서열 번호 15-157 중 어느 것과 적어도 95% 일치하는 AAV 캡시드를 암호화한다. 또 다른 구현예에서, 바이러스 생산 세포는 곤충 세포이다. 바람직한 구현예에서, 곤충 세포는 Sf9 세포이다. 추가의 구현예에서, 제1 핵산 벡터를 함유하는 배큘로바이러스에 의한 바이러스 생산 세포의 감염에 의해, 제1 핵산 벡터가 바이러스 생산 세포 내로 도입된다. 또 다른 구현예에서, 제1 및 제2 핵산 벡터는 제1 핵산 벡터를 함유하는 제1 배큘로바이러스 및 제2 핵산 벡터를 함유하는 제2 배큘로바이러스에 의한 바이러스 생산 세포의 감염에 의해 바이러스 생산 세포 내로 도입된다. 추가의 구현예에서, 본 발명은 본원에 제공된 제조 방법에 의해 제조된 AAV를 제공한다.

[0033] 또 다른 구현예에서, 본 발명은 본 발명의 AAV 벡터 또는 바이러스의 어느 유효량을 환자에게 투여하는 것을 포함하는, 장애 또는 질환을 앓고 있는 환자를 치료하는 방법을 제공한다.

[0034] 추가의 구현예에서, 본 발명은 본 발명의 어느 AAV 벡터 또는 바이러스의, 장애 또는 질환의 치료용 약제의 제조를 위한 용도를 제공한다. 본 발명은 또한 질환 또는 장애의 치료를 위한 본 발명의 어느 AAV 벡터 또는 바이러스 중 어느 것을 포함하는 조성물을 제공한다.

[0035] 또 다른 구현예에서, 피험체의 질환 또는 장애는 내인성 단백질의 비정상적인 활성과 관련된다. 본원에 사용된 "내인성 단백질"은 질환 또는 장애를 앓고 있는 피험체의 게놈에 의해 암호화되는 단백질 또는 유전자 생성물을 의미한다.

[0036] "AAV 비리온(virion)" 또는 "AAV 바이러스 입자" 또는 "AAV 벡터 입자"는 적어도 하나의 AAV 캡시드 단백질 및 캡시드화된 폴리뉴클레오타이드 AAV 벡터로 이루어진 바이러스 입자를 의미한다. 입자가 이종 폴리뉴클레오타이드 (즉, 포유동물 세포에 전달되는 전이유전자와 같은 야생형 AAV 게놈 이외의 폴리뉴클레오타이드)를 포함하는 경우, 이는 통상 "AAV 벡터 입자" 또는 간단히 "AAV 벡터 ". 따라서, AAV 벡터 입자의 생산은 반드시 AAV 벡터의 생산을 포함하는데, 이는 그러한 벡터가 AAV 벡터 입자 내에 함유되어 있기 때문이다.

[0037] 본 발명은 또한 본 발명의 AAV 벡터들 중 어느 것을 포함하는 세포, 및 본 발명의 이들 세포에 의해 생성된 바이러스 입자를 제공한다.

[0038] 본 명세서에서 사용되는 용어 "역전된 말단 반복부 (inverted terminal repeat, ITR)"는 AAV 게놈의 5 '및 3' 말단에서 발견되는 당업계에 인정되는 영역을 의미하며, 이는 DNA 복제 기원으로서 시스(cis) 방식으로, 그리고 바이러스 게놈에 대한 패키징 신호로서 작용한다. AAV rep 암호화 영역과 함께, AAV ITR은 플라스미드 벡터로부터 효율적인 절단 및 탈출을 제공하고, 두 개의 인접한 ITR 사이에 삽입된 뉴클레오타이드 서열을 숙주 세포 게놈에 통합시킨다. 특정 AAV- 관련 ITR의 서열은 문헌 [Yan et al., *J. virol*. 79 (1) : 364-379 (2005)]에 기재되어 있고, 이는 전체가 참고로서 본원에 포함되었다.

[0039] 본원에 사용된 "생산적 AAV 감염을 생성시키기 위한 헬퍼(helper) 작용"이라는 어구는, AAV 유전자 생성물을 제공하도록 발현될 수 있는 AAV-유래 암호화 서열을 지칭하며, AAV 유전자 생성물은 차례로 생산적 AAV 복제에 대하여 트랜스(trans) 방식으로 작용한다. 따라서 AAV 헬퍼 기능에는 rep 및 cap 영역이 포함된다. rep 발현 생성물은 그 중에서도, DNA 복제의 AAV 기원의 인식, 결합 및 니킹 (nicking), DNA 헬리카제 활성; 및 AAV (또는 다른 이종성) 프로모터로부터의 전사 조절을 포함하는 많은 작용을 갖는 것으로 나타났다. cap 발현 제품은 필요한 패키징 작용을 제공한다. AAV 헬퍼 기능은 본원에서 AAV 벡터로부터 누락된 AAV 작용을 트랜스 방식으로 보완하기 위해 사용된다. 생산적 AAV 감염을 유발하는 헬퍼 기능에는 또한 배큘로바이러스, 헤르페스 바이러스, 아데노바이러스 또는 우두 바이러스로부터의 특정 헬퍼 기능이 포함될 수 있다.

[0040] 일부 구현예에서, 바이러스 작제물은 AAV rep 및 cap 유전자를 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0041] 본원에 사용된 용어 "AAV rep 유전자"는 바이러스 게놈을 복제하고 잠재적 감염 동안 숙주 게놈에 바이러스 게놈을 삽입하는데 필요한 바이러스의 복제 단백질을 암호화하는 AAV 게놈의 당업계에서 인정된 영역을 지칭한다. AAV rep 암호화 영역의 추가 설명을 위해, 예를 들어, 문헌 [Muzyczka et al., *Current Topics in Microbiol. and Immunol*. 158:97-129 (1992); Kotin et al., *Human Gene Therapy* 5:793-801 (1994)]를 참고하며, 이들의 개시 내용은 본원에 참고로 포함된다. 본원에서 사용되는 rep 암호화 영역은 어느 바이러스 혈청형, 예를 들어 상기 기재된 AAV 혈청형으로부터 유래될 수 있다. 상기 영역은 모든 야생형 유전자를 포함할 필요는 없지만, 적절한 수령체 세포에서 발현될 때 rep 유전자가 원하는 작용적 특성을 보유하는 한, 예를 들어 뉴클레오타이드의 삽입, 결실 또는 치환에 의해 변경될 수 있다.

[0042] 본원에 사용된 용어 "AAV cap 유전자"는 바이러스 게놈을 패키징하기 위해 필요한 바이러스의 코트(coat) 단백질을 암호화하는 AAV 게놈의 당업계에서 인정된 영역을 지칭한다. cap 암호화 영역의 추가적인 기술을 위하여, 예를 들어, 문헌 [Muzyczka et al., *Current Topics in Microbiol. and Immunol*. 158:97-129 (1992); Kotin et al., *Human Gene Therapy* 5:793-801 (1994)]을 참조하며, 이들의 개시 내용은 본원에 참고로 포함된다. 본원에 사용된 AAV cap 암호화 영역은 상기 한 바와 같이 어느 AAV 혈청형으로부터 유래될 수 있다. 상기 영역은 모든 야생형 cap 유전자를 포함할 필요는 없지만, 유전자가 AAV 벡터와 함께 숙주 세포에 존재할 때 충분한 패키징 작용을 제공하는 한, 예를 들어 뉴클레오타이드의 삽입, 결실 또는 치환에 의해 변경될 수 있다.

[0043] "형질 감염(transfection)"이라는 용어는 세포에 의한 외래 DNA의 흡수를 의미한다. 외인성 DNA가 세포막 내부에 도입되면 세포가 "형질 감염"되었다. 다수의 형질 감염 기술이 당업계에 일반적으로 공지되어있다. 예를 들어, 문헌 [Graham et al., *virology* 52 : 456 (1973)]; Sambrook 등, Molecular Cloning : A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratories, New York (1989); Davis et al., Basic Methods in Molecular Biology, Elsevier (1986); Chu et al., *Gene* 13 : 197 (1981)]를 참고하며, 이들의 개시 내용은 본원에 참고로 인용되어있다. 이러한 기술은 적합한 숙주 세포 내로 하나 이상의 외인성 DNA 모이어티, 예컨대 뉴클레오타이드 통합 벡터 및 다른 핵산 분자를 도입하는데 사용될 수 있다. 이 용어는 화학적, 전기적 및 바이러스 매개 형질 감염 과정을 포함한다.

[0044] 바이러스성 작제물은, 일부 구현예에서, 어느 세포 유형에서 생산적 형질전환, 형질 감염 또는 감염이 가능한 배큘로바이러스 벡터의 형태이다. 일부 구현예에서, 바이러스 작제물은 이종 단백질을 암호화하는 적어도 하나

의 뉴클레오타이드 서열을 포함한다.

[0045] 또 다른 양태에서, 본원에 기재된 방법에 의해 제조된 AAV 입자가 본원에 기술된다. 일부 구현예에서, AAV 입자는 그의 게놈에 이종 단백질을 암호화하는 적어도 하나의 뉴클레오타이드를 포함한다.

[0046] "이종 단백질 또는 펩타이드"라는 용어는 몇몇을 예를 들자면, 헥사히스티딘, FLAG, myc, 폴리히스티딘 또는 표지 또는 면역원, 보조제, 선택 마커, 치료용 단백질 또는 표적 단백질 또는 펩타이드와 같은 태그를 포함하는, 야생형 AAV에 의해 발현되지 않는 어느 단백질을 지칭한다.

[0047] 본원에 기술된 예시적 이종 단백질은 비제한적으로 하기를 포함한다: β-글로빈, 헤모글로빈, 조직 플라스미노겐 활성인자, 및 응집 인자; 콜로니 자극 인자 (CSF); 인터류킨, 예컨대 IL-1, IL-2, IL-3, IL-4, IL-5, IL-6, IL-7, IL-8, IL-9 등; 성장 인자, 예컨대 각질세포 성장 인자 (KGF), 줄기 세포 인자 (SCF), 섬유아세포 성장 인자 (FGF, 예컨대 염기성 FGF 및 산성 FGF), 간세포 성장 인자 (HGF), 인슐린-유사 성장 인자 (IGF), 골 형태형성 단백질 (BMP), 표피 성장 인자 (EGF), 성장 분화 인자-9 (GDF-9), 간암 유래 성장 인자 (HDGF), 미오스타틴 (GDF-8), 신경 성장 인자 (NGF), 뉴로트로핀, 혈소판-유래 성장 인자 (PDGF), 트롬보포이에틴 (TPO), 형질전환 성장 인자 알파 (TGF-α), 형질전환 성장 인자 베타 (TGF-β), 등; 가용성 수용체, 예컨대 가용성 TNF-α 수용체, 가용성 인터류킨 수용체 (예컨대, 가용성 IL-1 수용체 및 가용성 유형 Ⅱ IL-1 수용체), 가용성 γ/△ T 세포 수용체, 가용성 수용체의 리간드-결합 단편 등; 효소, 예컨대 α-글루코시다제, 이미글루카라제, β-글루코세레브로시다아제, 및 알글루세라제; 효소 활성인자, 예컨대 조직 플라스미노겐 활성인자; 케모카인, 예컨대 1P-10, 인터페론-감마에 의하여 유래된 모노카인(Mig), Groα/IL-8, RANTES, MIP-1α, MIP-1β, MCP-1, PF-4 등; 혈관형성 제제, 예컨대 혈관 내피 성장 인자 (VEGF, 예컨대, VEGF121, VEGF165, VEGF-C, VEGF-2), 신경교종-유래 성장 인자, 안지오제닌, 안지오제닌-2; 등; 항-혈관형성 제제, 예컨대 가용성 VEGF 수용체; 단백질 백신; 신경활성 펩타이드, 예컨대 신경 성장 인자 (NGF), 브라디키닌, 콜레시스토키닌, 가스트린, 세크레틴, 옥시토신, 고나도트로핀-방출 호르몬, 베타-엔도르핀, 엔케팔린, 물질 P, 소마토스타틴, 프로락틴, 갈라닌, 성장 호르몬-방출 호르몬, 봄베신, 다이노르핀, 와파린, 뉴로텐신, 모틸린, 티로트로핀, 신경펩티드 Y, 황체형성 호르몬, 칼시토닌, 인슐린, 글루카곤, 바소프레신, 안지오텐신 Ⅱ, 티로트로핀-방출 호르몬, 혈관활성 장관 펩타이드, 수면(sleep) 펩타이드, 등; 혈전용해성 제제; 심방 나트륨이뇨 펩타이드; 릴렉신; 신경교섬유 산성 단백질; 여포 자극 호르몬 (FSH); 인간 알파-1 항트립신; 백혈병 억제성 인자 (LIF); 조직 인자, 황체형성 호르몬; 대식세포 활성화 인자; 종양 괴사 인자 (TNF); 호중구 화학주성 인자 (NCF); 메탈로프로테이나제(metalloproteinase)의 조직 억제제; 혈관활성 장관 펩타이드; 안지오제닌; 안지오트로핀; 피브린; 히루딘; IL-1 수용체 길항제; 모양체 신경영양 인자 (CNTF); 뇌-유래 신경영양 인자 (BDNF); 뉴로트로핀 3 및 4/5 (NT-3 및 4/5); 신경아교세포 유래 신경영양 인자 (GDNF); 방향족 아미노산 데카르복실라제 (AADC); 인자 Ⅷ, 인자 Ⅸ, 인자 X; 디스트로핀 또는 니니(nini)-디스트로핀; 리소좀 산 리파제; 페닐알라닌 하이드록실라제 (PAH); 글리코겐 저장 질환-관련 효소, 예컨대 글루코스-6-포스파타제, 산 말타제, 글리코겐 탈분지화 효소, 근육 글리코겐 포스포릴라제, 간 글리코겐 포스포릴라제, 근육 포스포프룩토키나제, 포스포릴라제 키나제, 글루코스 수송체, 알돌라제 A, β-에놀라제, 글리코겐 신타제; 및 리소좀 효소.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0048] 본 발명은 신규한 AAV 캡시드 단백질, 이들 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산, 및 이들 신규한 캡시드 단백질을 포함하는 AAV 바이러스를 제공한다. 일부 구현예에서, AAV 캡시드 단백질은 여러 포유동물 조직으로부터 단리 및 식별되었다. 신규한 AAV 캡시드 VP1 단백질의 아미노산 서열을 서열 번호 15 내지 89로 기재하고, 관련 VP2 및 VP3 영역의 위치를 본 명세서에 개시한다. 또한, 본 발명은, 일 AAV 캡시드 서열로부터 유래된 골격 아미노산 서열, 및 적어도 하나의 다른 상이한 AAV 캡시드 서열, 예컨대 VR, GBS 및/또는 GH 루프 유래의 캡시드 단백질의 단편을 갖는 신규한 조작된 키메라 AAV 캡시드 단백질을 제공한다. 예시적인 조작된 키메라 AAV 캡시드 VP1 단백질의 아미노산 서열은 서열 번호 90 내지 157로서 제시된다.

[0049] <u>AAV 벡터</u>

[0050] 본 명세서에 사용된 용어 "AAV"는 아데노-관련 바이러스에 대한 표준 약어이다. 아데노-관련 바이러스는 단일 가닥 DNA 파보바이러스로서, 공동-감염성 헬퍼 바이러스에 의해 특정 작용이 제공되는 세포에서만 성장한다. 하기 표 1에 나타낸 바와 같이, 특성화된 AAV의 적어도 13개의 혈청형이 존재한다. AAV에 대한 일반적인 정보 및 리뷰는 예를 들어, 문헌 [Carter, <u>Handbook of Parvoviruses</u>, Vol. 1, pp. 169-228 (1989), and Berns, <u>virology</u>, pp. 1743-1764, Raven Press, (New York, 1990)]에서 찾을 수 있다. 그러나 다양한 혈청형이 유전적 수준에서도 구조적으로나 기능적으로 모두 매우 밀접하게 관련되어 있다는 것이 잘 알려져 있기 때문에 이러한

동일한 원리가 추가적인 AAV 혈청형에 적용될 것으로 충분히 기대된다. (예를 들어, Blacklowe, pp. 165-174 of Parvoviruses and Human Disease, J. R. Pattison, ed. (1988); and Rose, *ComprehensIVe virology* 3:1-61 (1974)를 참고하라). 예를 들어, 모든 AAV 혈청형은 상동 rep 유전자에 의해 매개되는 매우 유사한 복제 성질을 명백히 나타내는 것으로 보이고; 모두 AAV6에서 발현된 것과 같은 3개의 관련된 캡시드 단백질을 가지고 있다. 관련성의 정도는 이종이합체 (heteroduplex) 분석에 의해 추가로 제시되며, 이는 유전체의 길이에 따른 혈청형 간의 광범위한 교차-혼성화; 및 "역전된 말단 반복 서열"(ITR)에 상응하는 말단에서의, 유사 자가-어닐링 분절의 존재를 나타낸다. 유사한 감염 패턴은 또한 각 혈청형의 복제 작용이 유사한 조절 규제하에 있음을 시사한다.

[0051] 본원에 사용된 "AAV 벡터"는 AAV 말단 반복 서열 (ITR)이 측면에 위치하는 하나 이상의 관심있는 폴리뉴클레오타이드 (또는 전이유전자)를 포함하는 벡터를 지칭한다. 이러한 AAV 벡터는, rep 및 cap 유전자 생성물을 암호화하고 발현하는 벡터로 형질 감염된 숙주 세포에 존재할 때, 복제 및 감염성 바이러스 입자 내로 패키징될 수 있다.

[0052] "AAV 비리온" 또는 "AAV 바이러스 입자" 또는 "AAV 벡터 입자" 또는 "AAV 바이러스"는 적어도 하나의 AAV 캡시드 단백질 및 캡시드화된 폴리뉴클레오타이드 AAV 벡터로 이루어진 바이러스 입자를 의미한다. 입자가 이종 폴리뉴클레오타이드 (즉, 포유동물 세포에 전달되는 전이유전자와 같은 야생형 AAV 게놈 이외의 폴리뉴클레오타이드)를 포함하는 경우, 이는 통상 "AAV 벡터 입자" 또는 간단히 "AAV 벡터"로 지칭된다. 따라서, AAV 벡터 입자의 생산은 반드시 AAV 벡터의 생산을 포함하는데, 이는 그러한 벡터가 AAV 벡터 입자 내에 함유되어 있기 때문이다.

[0053] AAV "rep" 및 "cap" 유전자는 복제 및 캡시드화 단백질을 각각 암호화하는 유전자이다. AAV rep 및 cap 유전자는 현재까지 조사된 모든 AAV 혈청형에서 발견되었으며, 본원 및 인용된 참고 문헌에 기술되어 있다. 야생형 AAV에서, rep 및 cap 유전자는 일반적으로 바이러스 게놈에서 서로 인접하여 발견되며, [즉, 인접한 또는 중복되는 전사 단위로 "함께 움직임(coupled)"], 일반적으로 AAV 혈청형 사이에서 보존된다. AAV rep 및 cap 유전자는 또한 개별적으로 및 집합적으로 "AAV 패키징 유전자"라고 불린다. 본 발명에 따른 AAV cap 유전자는 rep 및 아데노 헬퍼 기능의 존재하에 AAV 벡터를 패키징할 수 있는 Cap 단백질을 암호화하고, 표적 세포 수용체에 결합할 수 있다. 일부 구현예에서, AAV cap 유전자는 특정 AAV 혈청형, 예를 들어 표 1에 나타낸 혈청형으로부터 유래된 아미노산 서열을 갖는 캡시드 단백질을 암호화한다.

[0054] **표 1. AAV 항원형**

AAV 혈청형	유전자은행 수탁번호
AAV-1	NC_002077.1
AAV-2	NC_001401.2
AAV-3	NC_001729.1
AAV-3B	AF028705.1
AAV-4	NC_001829.1
AAV-5	NC_006152.1
AAV-6	AF028704.1
AAV-7	NC_006260.1
AAV-8	NC_006261.1
AAV-9	AX753250.1
AAV-10	AY631965.1
AAV-11	AY631966.1
AAV-12	DQ813647.1
AAV-13	EU285562.1

[0055]

[0056] AAV의 생산에 사용되는 AAV 서열은 어느 AAV 혈청형의 게놈으로부터 유래될 수 있다. 일반적으로, AAV 혈청형은 아미노산 및 핵산 수준에서 현저한 상동성을 갖는 게놈 서열을 가지며, 유사한 유전적 세트를 제공하고, 본질적으로 물리적 및 작용적으로 동등한 비리온을 생성하며, 실질적으로 동일한 기전에 의해 복제 및 조립한다. AAV 혈청형의 게놈 서열 및 게놈 유사성에 대한 논의는 예를 들어 하기를 참고한다: 유전자은행 수탁 번호 U89790; 유전자은행 수탁 번호 J01901; 유전자은행 수탁 번호 AF043303; 유전자은행 수탁 번호 AF085716; Chlorini et al., *J. vir.* 71:6823-33(1997); SrIVastava et al., *J. vir.* 45:555-64 (1983); Chlorini et al., *J. vir.* 73:1309-1319 (1999); Rutledge et al., *J. vir.* 72:309-319 (1998); 및 Wu et al., *J. vir.* 74: 8635-47 (2000).

[0057] 모든 공지된 AAV 혈청형의 게놈 조직은 매우 유사하다. AAV의 게놈은 길이가 약 5,000개 뉴클레오타이드 (nt) 미만인 선형의 단일 가닥 DNA 분자이다. 역전된 말단 반복부 (ITR)는 비-구조적 복제 (Rep) 단백질 및 구조적 (VP) 단백질의 독특한 암호화 뉴클레오타이드 서열의 측면에 위치한다. VP 단백질은 캡시드를 형성한다. 말단부 145nt는 자기 상보적이며, T-자형 헤어핀을 형성하는 에너지적으로 안정한 분자내 이합체가 형성될 수 있도록 조직화된다. 이러한 헤어핀 구조는 바이러스 DNA 복제의 기원으로 작용하여, 세포 DNA 중합 효소 복합체의 프라이머 역할을 한다. Rep 유전자는 Rep 단백질, Rep78, Rep68, Rep52 및 Rep40을 암호화한다. Rep78 및 Rep68은 p5 프로모터로부터 전사되고, Rep 52 및 Rep40은 p19 프로모터로부터 전사된다. cap 유전자는 VP 단백질, VP1, VP2 및 VP3을 암호화한다. cap 유전자는 p40 프로모터에서 전사된다.

[0058] 일부 구현예에서, AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산 서열은 Sf9 또는 HEK 세포와 같은 특정 세포 유형에서의 발현을 위한 조절 발현 조절 서열에 작동가능하게 연결된다. 곤충 숙주 세포 또는 포유동물 숙주 세포에서 외래 유전자를 발현시키는 당업자에게 공지된 기술을 사용하여 본 발명을 실시할 수 있다. 곤충 세포에서 분자 공학 및 폴리펩타이드의 발현을 위한 방법론은 예를 들어, 하기에 기술되어 있다: Summers and Smith. A Manual of Methods for Baculovirus Vectors and Insect Culture Procedures, Texas Agricultural Experimental Station Bull. No. 7555, College Station, Tex. (1986); Luckow. 1991. In Prokop et al., Cloning and Expression of Heterologous Genes in Insect Cells with Baculovirus Vectors' Recombinant DNA Technology and Applications, 97-152 (1986); King, L. A. and R. D. Possee, The baculovirus expression system, Chapman and Hall, United Kingdom (1992); O'Reilly, D. R., L. K. Miller, V. A. Luckow, Baculovirus Expression Vectors: A Laboratory Manual, New York (1992); W.H. Freeman and Richardson, C. D., Baculovirus Expression Protocols, Methods in Molecular Biology, volume 39 (1995); 미국 특허 제4,745,051호; US2003148506; 및 WO 03/074714. AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열의 전사에 특히 적합한 프로모터는, 예를 들어 다면체(polyhedron) 프로모터이다. 그러나, 곤충 세포에서 활성 인 다른 프로모터가 당업계에 공지되어 있으며, 예를 들어 p10, p35 또는 IE-1 프로모터 및 상기 참고 문헌에 기재된 추가적인 프로모터도 또한 고려된다.

[0059] 이종 단백질의 발현을 위한 곤충 세포의 사용은 벡터와 같은 핵산, 예컨대 벡터, 예를 들어 곤충-세포 양립가능한 벡터를 그러한 세포에 도입하는 방법, 및 배양액 중에서 상기 세포를 유지하는 방법이 잘 기록되어 있다. 예를 들어, 하기를 참고한다: 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); Kirnbauer et al., *vir.* 219:37-44 (1996); Zhao et al., *vir.* 272:382-93 (2000); 및 Samulski et al., 미국 특허 제6,204,059호. 일부 구현예에서, 곤충 세포에서 AAV를 암호화하는 핵산 작제물은 곤충 세포-양립가능한 벡터이다. 본 명세서에 사용된 "곤충 세포-양립가능한 벡터" 또는 "벡터"는 곤충 또는 곤충 세포의 생산적 형질전환 또는 형질 감염이 가능한 핵산 분자를 말한다. 예시적인 생물학적 벡터는 플라스미드, 선형 핵산 분자 및 재조합 바이러스를 포함한다. 모든 벡터는 곤충 세포-양립가능한 경우 사용될 수 있다. 벡터는 곤충 세포의 게놈에 통합될 수 있지만, 곤충 세포에서 벡터의 존재는 영구적일 필요는 없고 일시적인 에피좀 벡터도 포함된다. 벡터는 공지된 어느 수단, 예를 들어 세포의 화학적 처리, 전기 천공법, 또는 감염에 의해 도입될 수 있다. 일부 구현예에서, 벡터는 배큘로바이러스, 바이러스 벡터 또는 플라스미드이다. 보다 바람직한 구현예에서, 벡터는 배큘로바이러스이고, 즉 작제물은 배큘로바이러스 벡터이다. 배큘로바이러스 벡터 및 이의 사용 방법은 곤충 세포의 분자 공학에 관한 상기 인용 문헌에 기재되어 있다.

[0060] 배큘로바이러스는 절지동물의 외피 DNA 바이러스이며, 이의 2개 구성원은 세포 배양에서 재조합 단백질을 생산하기 위한 발현 벡터로 잘 알려져있다. 배큘로바이러스는 순환하는 이중-가닥 게놈 (80-200kbp)를 가지고 있는데 이것은 특정 세포에 큰 게놈 내용물을 전달할 수 있도록 조작될 수 있다. 벡터로 사용되는 바이러스는 일반적으로 오토그라파 칼리포니카 다중캡시드 핵다각체 바이러스(Autographa californica multicapsid nucleopolyhedrovirus; AcMNPV) 또는 봄빅스 모리(Bombyx mori; (Bm) NPV)이다 (Kato et al., *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 85 (3) : 459-470 (2010)). 배큘로바이러스는 재조합 단백질의 발현을 위한 곤충 세포의 감염에 통상 사용된다. 특히, 곤충에서의 이종 유전자의 발현은 예를 들어 하기에서 기술된 바와 같이 달성될 수 있다: 미국 특허 제4,745,051호; Friesen et al., *Curr. Top. Microbiol. Immunol.* 131:31-49. (1986); EP 127,839; EP 155,476; Miller et al., *Ann. Rev. of Microbiol.* 42: 177-199 (1988); Carbonell et al., *Gene* 73(2):409-18 (1988); Maeda et al., *Nature* 315(6020):592-4 (1985); Lebacq-Verheyden et al., *Mol.*

Cell. Biol. 8(8):3129-35 (1988); Smith et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.* 82(24):8404-8 (1985); Miyajima et al., *Gene* 58(2-3):273-81 (1987); 및 Martin et al., *DNA* 7(2):99-106 (1988). 단백질 생산에 사용될 수 있는 다수의 배큘로바이러스 균주 및 변이체 및 상응하는 허용성 곤충 숙주 세포는 하기에 기술되어 있다: Luckow et al., *Nature Biotechnology* 6:47-55 (1988), 및 Maeda et al., *Nature* 315(6020):592-4 (1985).

[0061] **신규한 AAV 캡시드 단백질**

[0062] 제1 측면에서, 본 발명은 다양한 포유동물 조직으로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드 단백질을 제공한다. 신규한 AAV VP1 캡시드 단백질은 서열 번호 15 내지 89로서 제공되며, 관련 VP2 및 VP3 영역의 위치가 본원에 기재되어 있다. 본 발명은 또한 이들 신규한 AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 폴리뉴클레오타이드를 제공한다. 본 발명은 본원에 기술된 조작된 키메라 캡시드 단백질 (총칭하여 본원에서 "본 발명의 AAV 캡시드 단백질"이라 칭함) 및 본 발명의 AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함하는, 신규한 AAV 캡시드 단백질의 아미노산 서열을 제공한다. 또한, 이들 AAV 캡시드 핵산 및 본 발명의 아미노산 서열의 단편이 제공된다. 이들 서열 각각은 다양한 벡터 시스템 및 숙주 세포에서 용이하게 이용될 수 있다. 캡시드 VP1 단백질의 바람직한 단편은 VP2, VP3 및 가변 영역, GBS 도메인 및 GH 루프, 및 이들 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 이들 단편은 다양한 벡터 시스템 및 숙주 세포에서 용이하게 이용될 수 있다. 그러한 단편은 단독으로, 다른 AAV 서열 또는 단편과 함께, 또는 다른 AAV 또는 비-AAV 바이러스 서열로부터의 요소와 조합하여 사용될 수 있다. 특히 바람직한 일면으로, 벡터는 본 발명의 AAV 캡시드 서열을 함유한다.

[0063] 본 발명의 AAV 캡시드 서열 및 그의 단편은 rAAV의 생산에 유용하며, 또한 안티센스 전달 벡터, 유전자 치료 벡터, 또는 백신 벡터로서도 유용하다. 본 발명은 또한 본 발명의 신규한 AAV 캡시드 서열을 함유하는 핵산 분자, 유전자 전달 벡터 및 숙주 세포를 제공한다.

[0064] 적절한 단편은 본원에 제공된 정보를 사용하여 결정할 수 있다. 정렬은 인터넷의 웹 서버를 통해 접근할 수 있는, "Clustal W"와 같이 공공연하게 또는 상업적으로 이용 가능한 여러 서열 정렬 프로그램 중 하나를 사용하여 수행된다. 대안적으로, 벡터 NTI 유틸리티도 사용된다. 상기 기술된 프로그램에 포함된 것을 포함하여, 뉴클레오타이드 서열 동일성을 측정하는데 사용될 수 있는 당업계에 공지된 다수의 알고리즘이 또한 존재한다. 다른 예로서, 폴리뉴클레오타이드 서열은 GCG 버전 6.1의 프로그램인 FASTA를 사용하여 비교될 수 있다. FASTA는 대상 서열(query)와 검색 서열 사이의 최선의 중첩 영역의 정렬 및 백분율 서열을 제공한다. 예를 들어, 핵산 서열 간의 백분율 서열 동일성은 GCG 버전 6.1에 제공된 바와 같은 디폴트 파라미터 (워드 크기 6 및 스코어링 매트릭스에 대한 NOPAM 인자)를 사용하여 FASTA를 사용하여 계측될 수 있다. 유사한 프로그램, 예를 들어 "Clustal X" 프로그램을 아미노산 서열에 이용 가능하다. 사용할 수 있는 추가 서열 정렬 도구는 [단백질 서열 정렬; (http://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_needle/)] 및 [핵산 정렬; http://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_needle/nucleotide.html)]에 의하여 제공된다. 일반적으로, 이들 프로그램 중 어느 것은 디폴트 설정으로 사용되지만, 당업자는 필요에 따라 이들 설정을 변경할 수 있다. 대안적으로, 당업자는 적어도 참조된 알고리즘 및 프로그램에 의해 제공되는 것과 동일한 아이덴티티 또는 정렬 수준을 제공하는 다른 알고리즘 또는 컴퓨터 프로그램을 이용할 수 있다.

[0065] 핵산 또는 그의 단편을 언급할 때 용어 "실질적인 동일성(substatial identity)", "실질적인 상동성(substatial homology)" 또는 "실질적인 유사성 (substatial similarity)"은, 다른 핵산 (또는 이의 상보적 가닥)과 적절한 뉴클레오타이드 삽입체 또는 결실체를 최적으로 정렬할 때, 정렬 서열의 적어도 약 95 내지 99% 동일성, 예를 들어 95% 동일성, 96% 동일성, 97% 동일성, 98% 동일성 및 99% 동일성과 같은 뉴클레오타이드 서열 동일성이 존재한다. 바람직하게는, 상동성은 비교되는 두 서열의 전체 길이, 또는 이의 판독 프레임, 또는 적어도 15개 뉴클레오타이드 길이의 다른 적합한 단편에 걸쳐 있다. 적합한 단편의 예가 본 명세서에 기재되어 있다. 또한 본 발명의 AAV 캡시드 및 그의 상보적 가닥을 암호화하는 핵산의 천연 변이체 및 조작된 변형물도 본 발명의 핵산 서열에 포함된다. 그러한 변형은 예를 들어, 당업계에 공지된 표지, 메틸화, 및 축퇴(degenerate) 뉴클레오타이드에 의한 하나 이상의 자연발생적 뉴클레오타이드의 치환을 포함한다.

[0066] 아미노산 또는 그의 단편을 언급할 때 "실질적인 동일성", "실질적인 상동성" 또는 "실질적 유사성"이라는 용어는, 다른 아미노산 (또는 상보적 가닥)과 적절한 아미노산 삽입체 또는 결실체를 최적으로 정렬할 때, 정렬 서열의 약 95 내지 99%, 예컨대 95% 동일성, 96% 동일성, 97% 동일성, 98% 동일성 및 99% 동일성과 같은 아미노산 서열 동일성이 존재한다. 바람직하게는, 상동성은 비교되는 두 서열의 전체 길이, 또는 이의 단백질, 예를 들어, 길이가 적어도 8개 아미노산, 보다 바람직하게는 적어도 15개 아미노산인 cap 단백질, rep 단백질 또는

이의 단편에 걸쳐 있다. 적합한 단편의 예가 본 명세서에 기재되어 있다.

[0067] "고도로 보존된(highly conserved)"이란 용어는 80% 이상의 동일성, 바람직하게는 90% 이상의 동일성, 보다 바람직하게는 97% 이상의 동일성을 의미한다. 동일성은 당업자에게 알려진 알고리즘 및 컴퓨터 프로그램에 의지하여 당업자에 의해 쉽게 결정된다.

[0068] 핵산 서열 또는 아미노산 서열의 문맥에서 "퍼센트 서열 동일성" 또는 "동일"이라는 용어는, 최대 대응을 위해 정렬될 때 두 서열 내의 동일한 잔기를 나타낸다. 서열 동일성 비교의 길이는 비교되는 두 서열의 전체 길이에 대해, 유전자 암호화 서열의 전체 길이 또는 적어도 약 500개 내지 5000개 뉴클레오타이드의 단편이 바람직하다. 그러나, 작은 단편, 예를 들어 적어도 약 9개 뉴클레오타이드, 통상 약 20개 내지 24개 뉴클레오타이드, 약 28개 내지 32개 뉴클레오타이드, 약 36개 또는 그 이상의 뉴클레오타이드들 사이의 동일성도 또한 바람직할 수 있다. 유사하게, "퍼센트 서열 동일성"은, 단백질의 전체 길이 또는 그의 단편에 대한 아미노산 서열을 용이하게 계측될 수 있다. 적합하게는, 단편은 적어도 약 8개 아미노산 길이이고, 최대 약 700개 아미노산일 수 있다. 적합한 단편의 예가 본 명세서에 기재되어 있다.

[0069] 본원에 기재된 바와 같이, 본 발명의 AAV 캡시드 단백질을 함유하거나 포함하는 본 발명의 벡터는 중화 항체가 다른 바이러스 벡터뿐만 아니라 다른 AAV 혈청형 벡터의 유효성을 감소시키는 응용 분야의 용도에 특히 적합하다. 본 발명의 rAAV 벡터는 rAAV 재-투여 및 반복 유전자 치료에서 특히 유리하다.

[0070] 또한 본 발명에는 AAV 캡시드 단백질, 그의 상보적 가닥, cDNA 및 이에 상보적인 RNA를 암호화하는 핵산의 단편이 포함된다. 적합한 단편은 적어도 15개 길이의 뉴클레오타이드이며, 기능성 단편, 즉 생물학적으로 흥미로운 단편이다. 이러한 단편은 대안적인 스플라이스 변이체인 캡시드의 3가지 가변 단백질 (VP)인 VP1, VP2 및 VP3을 암호화하는 서열을 포함한다. 본 발명의 AAV 캡시드를 암호화하는 핵산의 다른 적합한 단편은 캡시드 단백질의 개시 코돈을 함유하는 단편 및 본원에 기재된 VP1 캡시드 단백질의 가변 영역을 암호화하는 단편을 포함한다.

[0071] 본 발명은 본 발명의 AAV 핵산 서열로부터 발현된 AAV 캡시드 아미노산 서열, 펩타이드 및 단백질에 국한되지 않으며, 예를 들어, 화학적 방법 합성, 다른 합성 기술에 의해, 또는 다른 방법에 의해 생산된 아미노산, 펩티드 및 단백질을 포괄한다. 예를 들어, 본원에 기재된 어느 캡시드의 서열은 다양한 기술을 사용하여 용이하게 생성될 수 있다.

[0072] 적절한 생산 기술은 당업자에게 잘 알려져있다. 예를 들어, 하기를 참고한다: Sambrook et al, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Press (Cold Spring Harbor, N.Y.). 대안적으로, 펩타이드는 잘 알려진 고체상 펩타이드 합성 방법 [(Merrifield, *J. Am. Chem. Soc.*, 85: 2149 (1962), Stewart and Young, Solid Phase Peptide Synthesis Freeman, 1969) pp.27-62]에 의해 합성될 수도 있다. 이들 및 다른 적합한 제조 방법은 당업자의 지식범위 내에 있으며, 본 발명을 제한하지 않는다.

[0073] AAV 캡시드는 VP1, VP2 및 VP3의 3가지 단백질로 구성되며, 이들은 선택적 스플라이스 변형체이다. 전체 길이 캡시드 서열은 VP2 및 VP3으로 지칭되는 스플라이싱된 변이체를 포함하는 VP1로 지칭된다. 본 발명은 또한 본 발명의 AAV 캡시드 단백질의 다른 기능성 단편을 제공한다. 캡시드 단백질의 다른 바람직한 단편은 가변 영역 (VR), 상기 가변 영역들 사이에 위치하는 불변 영역, GBS 도메인 및 GH 루프를 포함한다. 캡시드 단백질의 다른 바람직한 단편은 HPV 자체를 포함한다.

[0074] AAV2에서 서열 다양성의 영역을 계측하기 위한 알고리즘이 개발되었다. [Chiorini 등, *J. virol*, 73: 1309-19 (1999), Rutledge et al, *J. virol* ., 72: 309-319 (1998)]. 본원에 기재된 이러한 알고리즘 및/또는 정렬 기술을 사용하여 신규한 AAV 캡시드 서열의 VR을 계측한다. 본원에서 제공된 정렬을 디폴트 설정으로 Clustal X 프로그램을 사용하여 수행하거나, 또는 디폴트 설정으로 다른 상업적 또는 공공연하게 이용 가능한 정렬 프로그램을 사용하여, 당업자는 본 발명의 신규한 AAV 캡시드의 상응하는 단편을 용이하게 계측할 수 있다.

[0075] 적절하게는, AAV 캡시드 단백질의 단편은 적어도 8개 아미노산 길이, 또는 적어도 9개 아미노산 길이, 또는 적어도 10개 아미노산 길이, 또는 적어도 20개 아미노산 길이, 또는 30개 아미노산 길이, 또는 적어도 50개 아미노산 길이, 또는 적어도 75개 아미노산 길이, 또는 적어도 100개 아미노산 길이, 또는 200개 아미노산 길이, 또는 250개 아미노산 길이, 또는 300개 아미노산 길이, 또는 350개 아미노산 길이, 또는 400개 아미노산 길이이다. 그러나, 다른 원하는 길이의 단편은 쉽게 이용될 수 있다. 본 발명의 모든 단편은 캡시드 AAV 단백질의 생물학적 활성을 보유한다. 그러한 단편은 재조합적으로 또는 다른 적절한 수단, 예를 들어 화학적 합성에 의해 생산될 수 있다.

[0076] 본 발명의 서열, 단백질 및 단편은 재조합 생산, 화학 합성 또는 다른 합성 수단을 포함하는 어느 적합한 수단

에 의해 제조될 수 있다. 이러한 제조 방법은 당업자의 지식범위 내에 있으며 본 발명을 제한하지 않는다.

[0077] 서열 목록에 제공된 핵산 서열을 포함하는 것 이외에, 본 발명은 본 발명의 AAV 캡시드 단백질의 아미노산 서열, 단백질 및 펩타이드를 발현하도록 고안된 핵산 분자 및 서열을 포함한다. 따라서, 본 발명은 하기 AAV 캡시드 아미노산 서열 및 이들 서열 및/또는 그의 독특한 단편을 사용하여 제조된 인공 AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 포함한다.

[0078] 인공 캡시드 또는 조작된 캡시드 단백질은, 본 발명의 AAV 캡시드 단백질 서열 (예를 들어, VP1 캡시드 단백질의 단편)을 또 다른 AAV 혈청형 (공지된 것 또는 신규한 것), 비-AAV 바이러스 공급원, 또는 비-바이러스 공급원 유래의 상동한 AAV 혈청형의 비-인접 부분들로부터 수득될 수 있는 이종 서열과 조합하여 사용하여, 어느 적합한 기술에 의하여 생성될 수 있다. 인공 AAV 혈청형은 키메라 AAV 캡시드, 재조합 AAV 캡시드 또는 "인간화된" AAV 캡시드일 수 있으나, 이에 제한되지 않는다.

[0079] <u>본 발명의 캡시드 단백질을 이용한 AAV의 생산</u>

[0080] 본 발명은 AAV 캡시드 단백질 서열 및 이들 단백질을 암호화하는 핵산을 포함하며, 이들은 본질적으로 이들 바이러스와 연관된 DNA 및/또는 세포 물질을 함유하지 않는다. 또 다른 양태에서, 본 발명은 이종 유전자 또는 다른 핵산 서열을 표적 세포로 전달하는데 유용한 분자를 생산하기 위한, 본 발명의 신규한 AAV 서열 (그의 단편 포함)을 이용하는 분자를 제공한다.

[0081] 또 다른 양태에서, 본 발명은 이종 유전자 또는 다른 핵산 서열을 표적 세포로 전달하는데 유용한 바이러스 벡터를 생산하기 위한, 본 발명의 AAV 캡시드 단백질 서열(그의 단편을 포함)을 이용하는 분자를 제공한다.

[0082] AAV 캡시드 핵산 서열을 함유하는 본 발명의 분자는 숙주 세포에 전달될 수 있는 어느 유전적 요소 (벡터), 예를 들어, 네이키드 DNA, 플라스미드, 파지, 트랜스포존, 코스미드, 에피솜, 비-바이러스 전달 비히클 내 단백질 (예컨대, 지질계 담체), 이에 포함된 서열을 전달하는 바이러스 등을 포함할 수 있다. 선택된 벡터는 형질감염, 전기천공, 리포솜 전달, 막 융합 기술, 고속 DNA 코팅 펠릿, 바이러스 감염 및 원형질체 융합을 포함하는 어느 적합한 방법에 의해 전달될 수 있다. 본 발명의 어느 구현예를 구성하는데 사용되는 방법은 핵산 가공 기술 분야의 숙련가에게 공지되어 있으며, 유전 공학, 재조합 공학 및 합성 기술을 포함한다. 예를 들어, Sambrook et al, <u>Molecular Cloning: A Laboratory Manual</u>, Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor, N.Y.를 참고하라.

[0083] 일 구현예에서, 본 발명의 벡터는 최소한 본 발명의 AAV 캡시드 또는 이의 단편을 암호화하는 서열을 함유한다. 또 다른 구현예에서, 본 발명의 벡터는 최소한 AAV rep 단백질 또는 이의 단편을 암호화하는 서열을 함유한다. 선택적으로, 그러한 벡터는 AAV cap 및 rep 단백질을 모두 함유할 수 있다. AAV rep 및 cap이 제공되는 벡터에서, AAV rep 및 AAV cap 서열은 모두 동일한 AAV 혈청형 기원일 수 있다. 대안적으로, 본 발명은 그 내부의 rep 서열이 cap 서열을 제공하는 혈청형과는 상이한 AAV 혈청형으로부터의 벡터를 제공한다. 일 구현예에서, rep 및 cap 서열은 별도의 공급원 (예를 들어, 단리된 벡터, 또는 숙주 세포 및 벡터)으로부터 발현된다. 또 다른 구현예에서, 이들 rep 서열은 키메라 AAV 벡터를 형성하기 위해 상이한 AAV 혈청형의 cap 서열에 프레임에 맞게 융합된다. 선택적으로, 본 발명의 벡터는 AAV 5' ITR 및 AAV 3' ITR에 의해 측접된, 선택된 전이유전자를 포함하는 미니유전자(minigene)를 추가로 함유한다.

[0084] 따라서, 일 구현예에서, 본원에 기술된 벡터는 아미노산 서열 서열 번호 1-73 중 어느 하나의 손상되지 않은 AAV 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산 서열을 함유한다. 대안적으로, 이들 벡터는 이종의 AAV 또는 비-AAV 캡시드 단백질 (또는 그의 단편)에 융합된 캡시드의 하나 이상의 단편을 함유하는 인공 캡시드를 암호화하는 서열을 함유한다. 이들 인공 캡시드 단백질은 본 발명의 AAV 캡시드 단백질 또는 다른 AAV 혈청형의 캡시드 중 어느 것의 인접하지 않은 부분으로부터 선택된다. 다른 예에서, VP3 단백질의 개시 코돈을 GTG로 변경시키는 것이 바람직할 수 있다. 대안적으로, rAAV는 본 발명의 하나 이상의 AAV 캡시드 단백질의 하나 이상의 가변 영역, 또는 다른 단편을 포함할 수 있다. 이러한 변형은 선택된 발현 시스템에서의 발현, 수율의 증가 및/또는 순도를 개선시키거나, 또는 다른 바람직한 목적 (예를 들어, 방향성의 변화 또는 중화 항체 에피토프의 변경)에 대한 것일 수 있다.

[0085] 본 명세서에 기재된 벡터, 예를 들어, 플라스미드는 다양한 목적에 유용하지만, AAV 서열 또는 그의 단편을 포함하는 캡시드를 함유하는 rAAV의 생산에 사용하기에 특히 적합하다. rAAV를 포함하는 이러한 벡터, 이의 요소, 구성 및 용도는 본원에 자세히 설명되어 있다.

[0086] <u>공지된 AAV 캡시드 단백질의 VP1 아미노산 서열</u>

[0087] 본 발명은, 골격 (또는 수령체) 캡시드 단백질 서열 내 하나 이상의 가변 영역(들), GBS 영역 및/또는 GH 루프가 상이한 AAV 캡시드 서열 공여체 유래의 하나 이상의 가변 영역(들), GBS 영역 및/또는 GH 루프로 치환되는, 조작된 키메라 AAV 캡시드 단백질 (및 상기 캡시드 단백질을 포함하는 AAV)을 또한 제공한다. 수령체 및 공여체 서열은 어느 이전에 공지된 AAV 혈청형 또는 캡시드 서열, 또는 본원에 기재된 어느 신규한 AAV 캡시드 서열로부터 유래할 수 있다. 본 발명의 신규한 조작된 AAV 캡시드 단백질은 하나의 캡시드 서열로부터의 적어도 하나의 가변 영역, GBS 영역 또는 GH 루프 영역을, 수령체 캡시드 서열 내의 각각의 영역(들)로 교환함으로서 생성된다. 이와 관련하여, 수령체 VP1 캡시드 서열 중 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 또는 9개 모두의 VR은 하나 이상의 상이한 VP1 캡시드로부터의 각각의 영역(들)에 의하여 대체될 수 있다. 본원에 기술된 VR 영역 교환 방법 (및 이들 키메라 캡시드 서열을 포함하는 모든 관련 AAV 바이러스)에 의해 제조될 수 있는 조작된 키메라 AAV 캡시드 서열의 다양한 조합 중 어느 것 및 모든 것이 본 발명에 의해 고려된다.

[0088] AAVbo의 VP1 서열은 서열 번호 1로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

MSFVDHPPDWLESIGDGFREFLGLEAGPPKPKANQQKQDNARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGDPVNFADEVAREHDLSYQKQLEAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLASDTSFGGNLGKAVFQAKKRILEPLGLVETPDKTAPAAKKRPLEQSPQEPDSSSGVGKKGKQPARKRLN
FDDEPGAGDGPPPEGPSSGAMSTETEMRAAAGGNGGDAGQGAEGVGNASGDWHCDSTWSESHVTTTSTRTWVLPTYNNHLYLRLGS
SNASDTFNGFSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNHWGLRPKSMQVRIFNIQVKEVTTSNGETTVSNNLTSTVQIFADSTYELP
YVMDAGQEGSLPPFPNDVFMVPQYGYCGLVTGGSSQNQTDRNAFYCLEYFPSQMLRTGNNFEMVYKFENVPFHSMYAHSQSLDRLM
NPLLDQYLWELQSTTSGGTLNQGNSATNFAKLTKTNFSGYRKNWLPGPMMKQQRFSKTASQNYKIPQGRNNSLLHYETRTTLDGRW
SNFAPGTAMATAANDATDFSQAQLIFAGPNITGNTTTDANNLMFTSEDELRATNPRDTDLFGHLATNQQNATTVPTVDDVDGVGVY
PGMVWQDRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKSPPPQIFIKNTPVPANPATTFSPARINSFITQYSTGQVAVKIEWEIQ
KERSKRWNPEVQFTSNYGAQDSLLWAPDNAGAYKEPRAIGSRYLTNHL

[0089]

[0090] AAVmo의 VP1 서열은 서열 번호 2로서 기재되며, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

MSFFDWLGKQYAQGAAEFWDLKSGPPAPKKARKDGSAGFNFPGHKYLGPGNSLDRGDPVDADDAAAQKHDQSYQEQLEAGDNPYLK
YNHADREFQEALKDDTSFEGNLARGLFEAKKLVAEPLGLVEPELAPPSGRKRPVQSSQESGYSSSQDKRPNLDVDEEDREFAAAAA
ETETGSAPPTGNLGPGTMAGGGSAPIDDGSYGADGVGNASGDWHCDSTWLDNCVITRTTRTWNLPTYNNHIYKRLNGTTSGDQSYF
GFSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGLRPKSLRFKIFNIQVKEVTTQDSTKIISNNLTSTVQVFADTEYQLPYVIGSAHE
GCLPPFPADVFMLPQYGYCTRQDGNSNNPTPRSAFYCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYNFEKVPFHSMWAHNQSLDRLMNPLIDQYLY
YLDVTSSTGFTYQKGVHTNLPEQERNWLPGPGIRNQAWFNSATGNNPLTGTWQYSNKYVLENRASKIAPGPAMGIESTKFDGNGII
FSKEYITNVNTANPNQVNITRETEINSTNPLAGGSLGAHANNSQNTTTAPTLDHTNVMGVFPGSVWQDRDIYLQGQIWAKIPHTDG
HFHPSPLMGGFGLKNPPPQILIKNTPVPADPPTEFNANKISSFITQYSTGQVTVEMEWELQKETSKRWNPEIQYSDDSSSTSGSIL
HFAPDDVGNYKEFRSIGTRYLTRPL

[0091]

[0092] AAV2의 VP1 서열은 서열 번호 3으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

MAADGYLPDWLEDTLSEGIRQWWKLKPGPPPPKPAERHKDDSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDRQLDSG
DNPYLKYNHADAEFQERLKEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEPVKTAPGKKRPVEHSPVEPDSSSGTGKAGQQPARKRLN
FGQTGDADSVPDPQPLGQPPAAPSGLGTNTMATGSGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWMGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISSQSGASNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTQNDGTTTIANNLTSTVQVFT
DSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFTFSYTFEDVPFHSSYAHSQSL
DRLMNPLIDQYLYYLSRTNTPSGTTTQSRLQFSQAGASDIRDQSRNWLPGPCYRQQRVSKTSADNNNSEYSWTGATKYHLNGRDSL
VNPGPAMASHKDDEEKFFPQSGVLIFGKQGSEKTNVDIEKVMITDEEEIRTTNPVATEQYGSVSTNLQRGNRQAATADVNTQGVLP
GMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPSTTFSAAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQK
ENSKRWNPEIQYTSNYNKSVNVDFTVDTNGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0093]

[0094] AAV4의 VP1 서열은 서열 번호 4로서 제시되고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDNARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAGD
NPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGKKGKQPAKKKLVF
EDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAAAGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRTWVLPTYNNHLYKRLGESL
QSNTYNGFSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVTTSNGETTVANNLTSTVQIFADSSYELPYV
MDAGQEGSLPPFPNDVFMVPQYGYCGLVTGNTSQQQTDRNAFYCLEYFPSQMLRTGNNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNP

[0095]

[0096]
LIDQYLWGLQSTTTGTTLNAGTATTNFTKLRPTNFSNFKKNWLPGPSIKQQGFSKTANQNYKIPATGSDSLIKYETHSTLDGRWSA
LTPGPPMATAGPADSKFSNSQLIFAGPKQNGNTATVPGTLIFTSEEELAATNATDTDMWGNLPGGDQSNSNLPTVDRLTALGAVPG
MVWQNRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPPQIFIKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDWEIQKE
RSKRWNPEVQFTSNYGQQNSLLWAPDAAGKYTEPRAIGTRYLTHHL

[0097] AAV5의 VP1 서열은 서열 번호 5로서 기재되고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에서 정의된다.

[0098]
MSFVDHPPDWLEEVGEGLREFLGLEAGPPKPKPNQQHQDQARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLEAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEGAKTAPTGKRIDDHFPKRKKARTEEDSKPSTSSDAEAGP
SGSQQLQIPAQPASSLGADTMSAGGGGPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVVTKSTRTWVLPSYNNHQYREIKSGSVDGS
NANAYFGYSTPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLINNYWGFRPRSLRVKIFNIQVKEVTVQDSTTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYV
VGNGTEGCLPAFPPQVFTLPQYGYATLNRDNTENPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNNFEFTYNFEEVPFHSSFAPSQNLFKLANPL
VDQYLYRFVSTNNTGGVQFNKNLAGRYANTYKNWFPGPMGRTQGWNLGSGVNRASVSAFATTNRMELEGASYQVPPQPNGMTNNLQ
GSNTYALENTMIFNSQPANPGTTATYLEGNMLITSESETQPVNRVAYNVGGQMATNNQSSTTAPATGTYNLQEIVPGSVWMERDVY
LQGPIWAKIPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPGNITSFSDVPVSSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQ
YTNNYNDPQFVDFAPDSTGEYRTTRPIGTRYLTRPL

[0099] AAV6의 VP1 서열은 서열 번호 6으로 기재되고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

[0100]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPFGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPATPAAVGPTTMASGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISSASTGASNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVF
SDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFTFSYTFEDVPFHSSYAHSQS
LDRLMNPLIDQYLYYLNRTQNQSGSAQNKDLLFSRGSPAGMSVQPKNWLPGPCYRQQRVSKTKTDNNNSNFTWTGASKYNLNGRES
IINPGTAMASHKDDKDKFFPMSGVMIFGKESAGASNTALDNVMITDEEEIKATNPVATERFGTVAVNLQSSSTDPATGDVHVMGAL
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPAEFSATKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEVQYTSNYAKSANVDFTVDNNGLYTEPRPIGTRYLTRPL

[0101] AAV6.2의 VP1 서열은 서열 번호 7로서 제시되고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

[0102]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPATPAAVGPTTMASGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISSASTGASNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVF
SDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFTFSYTFEDVPFHSSYAHSQS
LDRLMNPLIDQYLYYLNRTQNQSGSAQNKDLLFSRGSPAGMSVQPKNWLPGPCYRQQRVSKTKTDNNNSNFTWTGASKYNLNGRES
IINPGTAMASHKDDKDKFFPMSGVMIFGKESAGASNTALDNVMITDEEEIKATNPVATERFGTVAVNLQSSSTDPATGDVHVMGAL
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPAEFSATKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEVQYTSNYAKSANVDFTVDNNGLYTEPRPIGTRYLTRPL

[0103] AAV7의 VP1 서열은 서열 번호 8로서 제시되고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에서 정의된다.

[0104]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDNGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPAKKRPVEPSPQRSPDSSTGIGKKGQQPARKRL
NFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSVGSGTVAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLY
KQISSETAGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQV
FSDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFEFSYSFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLARTQSNPGGTAGNRELQFYQGGPSTMAEQAKNWLPGPCFRQQRVSKTLDQNNNSNFAWTGATKYHLNGR
NSLVNPGVAMATHKDDEDRFFPSSGVLIFGKTGATNKTTLENVLMTNEEEIRPTNPVATEEYGIVSSNLQAANTAAQTQVVNNQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPEVFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNFEKQTGVDFAVDSQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0105] AAV8의 VP1 서열은 서열 번호 9로서 제시되고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

[0106]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGIGKKGQQPARKRL
NFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGPNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLY
KQISNGTSGGATNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQ
VFTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHS
QSLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQTTGGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPCYRQQRVSTTTGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGR
NSLANPGIAMATHKDDEERFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDVMLTSEEEIKTTNPVATEEYGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQG
ALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQVSVEIEWE
LQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTSVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0107] AAV9의 VP1 서열은 서열 번호 10으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

[0108]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLKYNHADAEFQERLKEDTSFGGNLGRAVFQAKKRLLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIGKSGAQPAKKRLN
FGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGSLTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSSNDNAYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQV
FTDSDYQLPYVLGSAHEGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYEFENVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNS
LMNPGPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGIL
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGMKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0109] AAVrh.8의 VP1 서열은 서열 번호 11로서 제시되고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

[0110]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDDDRFFPSSGVLIFGKQGAGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI

[0111]
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0112] AAVrh.10의 VP1 서열은 서열 번호 12로서 제시되고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에서 정의된다.

[0113]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGIGKKGQQPAKKRL
NFGQTGDSESVPDPQPIGEPPAGPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLY
KQISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQ
VFTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFEFSYQFEDVPFHSSYAHS
QSLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPCYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGATKYHLNGR
DSLVNPGVAMATHKDDEERFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNAAPIVGAVNSQG
ALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFSQAKLASFITQYSTGQVSVEIEWE
LQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTDGTYSEPRPIGTRYLTRNL

[0114] AAVanc80의 VP1 서열을 서열 번호 13으로 나타내었고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에 정의된다.

[0115]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPARKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGSNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISSQSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLNFKLFNIQVKEVTTNDGTTTIANNLTSTVQVF
TDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQS
LDRLMNPLIDQYLYYLSRTQTTSGTAGNRTLQFSQAGPSSMANQAKNWLPGPCYRQQRVSKTTNQNNNSNFAWTGATKYHLNGRDS
LVNPGPAMATHKDDEDKFFPMSGVLIFGKQGAGNSNVDLDNVMITNEEEIKTTNPVATEEYGTVATNLQSANTAPATGTVNSQGAL
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPTTFSPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYNKSTNVDFAVDTNGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0116] AAVanc110의 VP1 서열은 서열 번호 14로서 제시되고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치는 하기 표 2에서 정의된다.

[0117]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGSNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQTTGTAGTQTLQFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGATKYHLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDEDRFFPSSGVLIFGKQGAGNDNVDYSQVMITNEEEIKTTNPVATEEYGAVATNNQSANTQAQTGLVHNQGVL
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0118] <u>신규한 캡시드 단백질의 VP1</u>

[0119] 신규한 AAV VP1 캡시드 단백질은 개코원숭이, 게잡이 원숭이(crab-eating macaque), 시노몰구스 원숭이, 마모셋 원숭이 및 돼지와 같은 포유동물로부터의 조직으로부터 단리되었다.

[0120] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.21로 표시됨)을 서열 번호 15 (아미노산 1-742)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 아래의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 15의 아미노산 138-742에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 15의 아미노산 206-742에 걸쳐 있다.

[0121]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKSG
DNPYLKYNHADAEFQQRLATDTSFGGNLGKAVFQAKKRILEPLGLVEEGVKTAPGKKRPLEKTPNRPTNPDSGKAPAKKKQKDGET
ADSARRTLDFEDSGAGDGPPEGSSSGEMSHDAEMRAAPGGNAVEAGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGRVTTTSTRTWVLPTYNNH
LYLRIGTTANSNTYNGFSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGLRPKSMRVKIFNIQVKEVTTSNGETTVANNLTSTVQIFA
DSTYELPYVMDAGQEGSLPPFPNDVFMVPQYGYCGVVTGENQNQTDRNAFYCLEYFPSQMLRTGNNFEVSYQFEKVPFHSMYAHSQ
SLDRMMNPLLDQYLWHPQSTTTGNSLNQGTATTTYGKITTGDFAYYRKNWLPGACIKQQKFSKNASQNYKIPASGGDALLKYDTHT
TSNGRWSNMAPGPPMATAGAGDSDFSNSQLIFAGPNQSGNTTTSSNNLLFTSEEEIATTNPRDTDMFGQIADNNQNATTAPHIANL
DAMGIVPGMVWQNRDIYYLGPIWAKVPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQIFIKNTPVPANPNTTFSAARINSFLTQYSTGQVAVQ
IDWEIQKEHSKRWDPEVQFTSNYGTQNSMLWAPDNAGNYHEPRAIGSRFLTHHL

[0122] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.26로 표시됨)을 서열 번호 16 (아미노산 1-739)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 16의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 16의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0123]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQGNSRGLVLPGYKYLGLFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DDPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFGPQPAAPIGQPPAAPPPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNVQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLANPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGQTNATNKTTLDNVLVTSEEEIKATNPVATEEYGTVSSNLQASNTNPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0124] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.27로 표시됨)을 서열 번호 17 (아미노산 1-739)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 17의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 17의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0125]
VAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAELQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPPPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHRDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS

[0126]
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLANPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGQTNATNKTTLDNVLITSEEEIKATNPVATEEYGTVSSNLQASNTNPTTETVNSQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENGKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0127] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.29로 표시됨)을 서열 번호 18 (아미노산 1-739)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 18의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 18의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0128]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKRRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQCLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLANPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGQTNATNKTTLDNVLITSEEEIKATNPVATEEYGTVSSNLQASNTNPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKEDSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0129] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.30으로 표시됨)을 서열 번호 19 (아미노산 1-739)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 19의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 19의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0130]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGGQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYLLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLANPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGQTNATNKTTLDNVLITSEEEIKATNPVATEEYGTVSSNLQASNTNPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKEDSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0131] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.31로 표시됨)을 서열 번호 20 (아미노산 1-742)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 20의 아미노산 138-742에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 20의 아미노산 206-742에 걸쳐 있다.

[0132]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKSG
DNPYLKYNHADAEFQQRLATDTSFGGNLGKAVFQAKKRILEPLGLVEEGVKTAPGKKHPLEKTPNRPTNPDSGKAPAKKKQKDGET
ADSARRTLDFEDSGAGDGPPEGSSSGEMSHDAEMRAAPGGNAVEAGQGADGVGNASGDWHCGSTWSEGRVTTTSTRTWVLPTYNNH
LYLRIGTTANSNTYNGFSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGLRPKSMRVKIFNIQVKEVTTSNGETTVANNLTSTVQIFA
DSTYELPYVMDAGQEGSLPPFPNDVFMVPQYGYCGVVTGENQNQTDRNAFYCLECFPSQMLRTGNNFEISYQFEKVPFHSMYAHSQ
SLDRMMNPLLDQYLWHLQSTTTGNSLNQGTATTTYGKITTGDFAYYRKNWLPGACIKQQKFSKNASQNYKIPASGGDALLKYDTHT
TLNGRWSNMAPGPPMATAGAGDSDFSNSQLIFAGPNQSGNTTTSSNNLLFTSEEEIAATNPRDTDMFGQIADNNQNATTAPHIANL
DAMGIVPGMVWQNRDIYYQGPIWAKVPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQIFIKNTPVPANPNTTFSAARINSFLTQYSTGQVAVQ
IDWEIQKEHSKRWNPEVQFTSNYGTQNSMLWAPDNAGNYHEPRAIGSRFLTHHL

[0133] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.32로 표시됨)을 서열 번호 21 (아미노산 1-742)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 21의 아미노산 138-742에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 21의 아미노산 206-742에 걸쳐 있다.

[0134]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKSG
DNPYLKYNHADAEFQQRLATDTSFGGNLGKAVFQAKKRILEPLGLVEEGVKTAPGKKRPLEKTPNRPTNPDSGKAPAKKKQKDGET
ADSARRTLDFEDSGAGDGPPEGSSSGEMSHDAEMRAAPGGNAVEAGQGADGVGNASGGWHCDSTWSEGRVTTTSTRTWVLPTYNNH
LYLRIGTTANSNTYNGFSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGLRPKSMRVKIFNIQVKEVTTSNGETTVANNLTSTVQIFA
DSTYELPYVMDAGQEGSLPPFPNDVFMVPQYGYCGVVTGENQNQTDRNAFYCLEYFPSQMLRTGNNFEISYQFEKVPFHSMYAHSQ
SLDRMMNPLLDQYLWHLQSTTTGNSLNQGTATTTYGKITTGDFAYYRKNWLPGACIKQQKFSKNASQNYKIPASGGDALLKYDTHT
TLNGRWSSMAPGPPMATAGAGDSDFSNSQLIFAGPNQSGNTTTSSNNLLFTSEEEIATTNPRDTDMFGQIADNNQNATTAPHIANL
DAMGIVPGMVWQNRDIYYQGPIWAKVPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQIFIKNTPVPANPNTTFSAARINSFLTQYSTGQVAVQ
IDWEIQKEHSKRWNPEVQFTSNYGTQNSMLWAPGNAGNHHEPRAIGSRFLTHHL

[0135] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.33로 표시됨)을 서열 번호 22 (아미노산 1-742)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 22의 아미노산 138-742에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 22의 아미노산 206-742에 걸쳐 있다.

[0136]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKSG
DNPYLKYNHADAEFQQRLATDTSFGGNLGKAVFQAKKRILEPLGLVEEGVKTAPGKKRPLEKTPNRPTNPDSGRAPAKKKQKDGET
ADSARRTLDFEDSGAGDGPPEGSSSGEMSHDAEMRAAPGGNAVEAGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGRVTTTSTRTWVLPTYNNH
LYLRIGTTANSNTYNGFSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGLRPKSMRVKIFNIQVKEVTTSNGETTVANNLTSTVQIFA
DSTYELPYVMDAGQEGSLPPFPNDVFMVPQYGYCGVVTGENQNQTDRNAFYCLEYFPSQMLRTGNNFEISYQFEKVPFHSMYAHSQ
SLDRMMNPLLDQYLWHLQSTTTGNSLNQGTATTTYGKITTGDFAYYRKNWLPGACIKQQKFSKNASQNYKIPASGGDALLKYDTHT
TLNGRWSNMAPGPPMATAGAGDSDFSNSQLIFAGPNQSGNTTTSSNNLLLTSEEEIATTNPRDTDMFGQIADNNQNATTAPHIANL
DAMGIVPGMVWQNRDIYYQGPIWAKVPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQIFIKNTPVPANPNTTFSAARINSFLTQYSTGQVAVQ
IDWEIQKEHSKRWNPEVQFTSNYGTQNSMLWAPGNAGNYHEPRAIGSRFLTHHL

[0137] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.34로 표시됨)을 서열 번호 23 (아미노산 1-739)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 23의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 23의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0138]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGILGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLVNPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGKTNATNKTTLENVLVTDEEEVKATNPVATEEYGTVSSNLQSNTTNPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSADAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0139] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.35로 표시됨)을 서열 번호 24 (아미노산 1-739)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 24의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 24의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0140]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEVAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLANPGIAMATHKDDEERFFPQHRVLVFGQTNATNKTTLDNVLITSEEEIKATNPVATEEYGTVSSNLQASNTDPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWVKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYTTQYSTGQVSVEIEW
GLQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0141] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.36로 표시됨)을 서열 번호 25 (아미노산 1-739)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 25의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 25의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0142]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEAYAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRIPEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRPSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLANPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGQTNATNKTTLDNVLITSEEEIKATNPVATEEYGTVSSNLQASNTNPTTETVNNQ

[0143]
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0144] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.37로 표시됨)을 서열 번호 26 (아미노산 1-739)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 26의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 26의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0145]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAETAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQTEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIINPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLANPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGQTNATNKTTLDNVLITSEEEIKATNPVATEEYGTVSSNLQASNTNPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0146] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.38로 표시됨)을 서열 번호 27 (아미노산 1-739)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 27의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 27의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0147]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIRGWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPCLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLANPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGQTNATNKTTLDNVLITSEEEIKATNPVATEEYGTVSSNLQASNTNPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPTWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0148] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.41로 표시됨)을 서열 번호 28 (아미노산 1-739)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 28의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 28의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0149]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ

[0150]
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNSFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLANPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGQTNATNKTTLDNVLITSEEEIKATNPVATEEYGTVSSNLQASNTNPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0151] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.42로 표시됨)을 서열 번호 29 (아미노산 1-739)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 29의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 29의 아미노산 206-739에 걸쳐 있

다.

[0152]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNGADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLVNPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGKTNATNKTTLENVLVTDEEEVKATNPVATEEYGTVSSNLQSNTTNPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRLIGTRYLTRNL

[0153] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.43로 표시됨)을 서열 번호 30 (아미노산 1-739)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 30의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 30의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0154]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQNSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLVNPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGKTNATNKTTLENVLVTDEEEVKATNPVATEEYGTVSSNLQSNTTNPTTETVNNQ
GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0155] 개코원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bba.44로 표시됨)을 서열 번호 31 (아미노산 1-739)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 31의 아미노산 138-739에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 31의 아미노산 206-739에 걸쳐 있다.

[0156]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQDNSRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDKQLEQG
DNPYLKYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKKRPLEKTPNQPTDTQAAGQTPAKKRPQGEQ
SGDSARRQLDFDPQPAAPIGQPPAAPSPVGSNTMASGGGGPMADDNQGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWVLPTYNNH
IYKQISSESGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKIFNIQVKEVTQIEGGSTIANNLTSTIQ
VFADSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFESVPFHSSYAHS
QSLDRIMNPLVDQYLYYLARTQTGTGSTTSNTRQLQFYQAGPSNMADQSRNWLPGPMYRQQRVSKTLDQDSNTNFAWTAASKYNLN
GRKSLVNPGIAMATHKDDEERFFPQHGVLVFGKTNATNKTTLENVLVTDEEEVKATNPVATEEYGTVSSNLQSNTTNPTTETVNNQ
GILPGMAWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTTSKFASYITQYSTGQVSVEIEW
ELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSNNVEFSVDAAGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0157] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.14로 표시됨)을 서열 번호 32 (아미노산 1-736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 32의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 32의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0158]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIGKSGAQPAKKRLN
FGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGSLTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSSNDNAYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQV
FTDSDYQLPYVLGSAHEGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFTFSYEFENVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSKTINGSGQNQQALKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNS
LMNPGPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGIL
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLVGGFGMKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQVRVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0159] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.15로 표시됨)을 서열 번호 33 (아미노산 1-736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 33의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 33의 아미노산 203-736에 걸쳐 있

다.

[0160]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIGKSGAQPAKKRLN
FGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGSLTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSSNDNAYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQV
FTDSDYQLPYVLGSAHEGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMPRTGNNFTFSYEFENVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNS
LMNPGPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGIL

[0161]
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGMKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQVSVAIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0162] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.16으로 표시됨)을 서열 번호 34 (아미노산 1-736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 34의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 34의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0163]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIGKSGAQPAKKRLN
FGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGSLTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSSNDNAYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQV
FTDSDYQLPYVLGSAHEGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFTFSYEFENVPFHSSYAHSQ
SLDRPMNPLIDQYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNS
LMNPGPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGIL
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGMKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0164] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.17로 표시됨)을 서열 번호 35 (아미노산 1-736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 35의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 35의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0165]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIGKSGAQPAIKRLN
FGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGSLTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVITTSIRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSSNDNAYFGYSTPWGYFDFSRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQV
FTDSDYQLPYVLGSAHEGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFTFSYEFENVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNS
LMNPGPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGIL
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGMKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0166] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.18로 표시됨)을 서열 번호 36 (아미노산 1-736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 36의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 36의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0167]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIGKSGAQPAKKRLN

[0168]
FGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGSLTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSSNDNAYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQV
FTDSDYQLPYVLGSAHEGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFTFSYEFENVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNS
LMNPGPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGIL
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGMKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0169] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.20으로 표시됨)을 서열 번호 37 (아미노산 1-

733)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 37의 아미노산 138-733에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 37의 아미노산 203-733에 걸쳐 있다.

[0170]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIGKSGAQPAKKRLN
FGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGSLTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSRWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSSNDNAYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTDNNGAKTIANNLTSTVQV
FTDSDYQLPYVLGSAHEGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFTFSYEFENVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNS
LMNPGPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGIL
PGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGMKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLT

[0171] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.35로 표시됨)을 서열 번호 38 (아미노산 1-730)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 38의 아미노산 138-730에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 38의 아미노산 199-730에 걸쳐 있다.

[0172]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVLQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQQPARKRLNFGQT
GDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGNRVITTSTRTWALPTYNNHLYKQISS
SSSGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSE
YQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRL
MNPLIDQYLYYLARTQSSTGTSTRELQFHQAGPATMAEQSKNWLPGPCFRQQRISKTTDNNNNSNFAWTGATKYHLNGRSSLTNPG
VPMATHKDDESVFFPINGVLVFGKTGASNKTTLENVLMTDEEEIKATNPVATEEYGVVSSNIQSQNSNPTTQTVNNQGALPGMVWQ
NRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENSKR
WNPEIQYTSNYDKQTGVGFAVDTQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0173] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.36으로 표시됨)을 서열 번호 39 (아미노산 1-730)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 39의 아미노산 138-730에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 39의 아미노산 199-730에 걸쳐 있다.

[0174]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQQPARKRLNFGQT
GDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGNRVITTSTRTWALPTYNNHLYKQISS
SSSGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSE
YQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRL
MNPLIDQYLYYLARTQSSTGTSTRELQFHQAGPATMAEQSKNWLPGPCFRQQRISKTTDNNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLTNPG
VPMATHKDDESVFFPINGVLVFGKTGASNKTTLENVLMTDEEEIKATNPVATEEYGVVSSNIQSQNSNPTTQTVNNQGALPGMVWQ
NRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENSKR
WNPEIQYTSNYDKQTGVDFAVDTQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0175] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.39로 표시됨)은 서열 번호 40 (아미노산 1-736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 40의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 40의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0176]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYPGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVFEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPSYRQQRVSTTKNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRNS
LMNPGVAMASHKDDEDRFFPSSGVLIFGKQGAGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGEVAINDQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLMHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNSDGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0177] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.40으로 표시됨)은 서열 번호 41 (아미노산 1-

736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 41의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 41의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0178]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQGRLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRPNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQA
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPSYRQQRVSTTKNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRNS
LMNPGVAMASHKDDEDRFSPSSGVLIFGKQGAGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGEVAINDQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNSDGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0179] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.41로 표시됨)을 서열 번호 42 (아미노산 1-736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 42의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 42의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0180]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQGRLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQILAFSQAGPSSMANQARNWVPGPSYRQQRVSTTKNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRNS
LMNPGVAMASHKDDEDRFFPSSGVLIFGKQGAGNDGMDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGEVAINDQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNSDGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0181] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.42로 표시됨)은 서열 번호 43 (아미노산 1-736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 43의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 43의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0182]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNSTSGGGTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGHLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPSYRQQRVSTTKDQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRNS
LMNPGVAMASHKDDEDRFFPSSGVLIFGKQGAGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGEVAVNDQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTLNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNSDGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0183] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.43로 표시됨)은 서열 번호 44 (아미노산 1-730)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 44의 아미노산 138-730에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 44의 아미노산 199-730에 걸쳐 있다.

[0184]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQQPARKRLNFGQT
GDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNAPGNWHCDSTWLGNRVITTSTRTWALPTYNNHLYKQISS
SSSGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWPRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSE
YQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRL

[0185]
MNPLIDQYPYYLARTQSSTGTSTRELQFHQAGPATMAEQSKNWLPGPCFRQQRISKTTDNNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLTNPG
VPMATHKDDESVFFPINGVLVFGKTGASNKTTLENVLMTDEEEIKATNPVATEEYGVVSSNIQSQNSNPATQTVNNQGALPGMVWQ
NRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENSKR
WNPEIQYTSNYDKQTGVDFAVDTQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0186] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.44로 표시됨)은 서열 번호 45 (아미노산 1-730)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 45의 아미노산 138-730에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 45의 아미노산 199-730에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLMLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQQPARKRLNFGQT
GDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGSWHCDSTWLGNRVITTSTRTWALPTYNNHLYKQISS
SSSGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSE
YQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGRQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRL
MNPLIDQYPYYLARTQSSTGTSTRELQFHQAGPATMAEQSKNWLPGPCFRQQRISKTTDNNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLTNPG
VPMATHKDDESVFFPINGVLVFGKTGASNKTTLENVPMTDEEEIKATNPVATEEYGVVSSNIQSQNSNPTTQTVNNQGALPGMVWQ
NRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENNKR
WNPEIQYTSNYDKQTGVDFAVDTQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0187]

[0188] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.45로 표시됨)은 서열 번호 46 (아미노산 1-730)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 46의 아미노산 138-730에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 46의 아미노산 199-730에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFSGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQQPARKRLNFGQT
GDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGNRVITTSTRTWALPTYNDHLYKQISS
SSSGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSE
YQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRL
MNPLIDQYLYYLARTQSSTGTSTRELQFHQAGPATMAEQSKNWLPGPCFRQQRISKTTDNNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLTNPG
VPMATHKDDESVFFPINGVLVFGKTGASNKTTLENVLMTDEEEIKATNPVATEEYGVVSSNIQSQNSNPTTQTVNNQGALPGMVWR
NRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENSKR
WNPEIQYTSNYDKQTGVDFAVDTQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0189]

[0190] 게잡이 원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bce.46로 표시됨)은 서열 번호 47 (아미노산 1-730)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 47의 아미노산 138-730에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 47의 아미노산 199-730에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQQPARKRLNFGQT
GDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGNRVITTSTRTWALPTYNNHLYKQISS
SSSGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSE
YQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRL
MNPLIDQYLYYMARTQSSTGTSTREPQFHQAGPATMAEQSKNWLPGPCFRQQRISKTTDNNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLTNPG
VPMATHKDDESVFFPINGVLVFGKTGASNKTTLENVLMTDEEEIKATNPVATEEYGVVSSNIQSQNSNPTTQTVNNQGALPGMVWQ
NRDVYLQGPIWAKIPHTDGDFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENSKR
WNPEIQYTSNYDKQTGVDFAVDTQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0191]

[0192] 시노몰구스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bcy.20으로 표시됨)을 서열 번호 48 (아미노산 1-730)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 48의 아미노산 138-730에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 48의 아미노산 199-730에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQQPARKRLNFGQT
GDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGNRVITTSTRTWALPTYNNHLYKQISS
GSSGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSE
YQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQVLRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRL
MNPLIDQYLYYLARTQSSTGTSTRELQFHQAGPATMAEQSKNWLPGPCFRQQRISKTSDNNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLTNPG
VPMATHKDDESVFFPINGVLVFGKTGASNKTTLENVLMTDEEEIKATNPVATEEYGVVSSNIQSQNSNPTTQTVNNQGALPGMVWQ
NRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENSKR
WNPEIQYTSNYDKQTGVDFAVDTQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0193]

[0194] 시노몰구스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bcy.22로 표시됨)을 서열 번호 49 (아미노산 1-

730)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 49의 아미노산 138-730에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 49의 아미노산 199-730에 걸쳐 있다.

[0195]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQDDGRGLVLPGYRYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRILEPLGLVEEAAKTAPGKERPVDSPDSTSGIGKKGQQPARKRLNFGQT
GDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGNRVITTSTRTWALPTYDNHLYKQISS
SSSGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSE
YQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRL
MNPLIDQYLYYLARTQSSTGTSTRELQFHQAGPATMAEQSKNWLPGPCFRQQRISKTTDNNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLTNPG
VPMATHKDDESVFFPINGVLVLGKTGASNKTTLENVLMTDEEEIKATNPVATEEYGVVSSNIQSQNSNPTTQTVNNQGALPGMVWQ
NRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENSKR
WNPEIQYTSNYDKQTGVDFAVDTQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0196] 시노몰구스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bcy.23으로 표시됨)을 서열 번호 50 (아미노산 1-730)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 50의 아미노산 138-730에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 50의 아미노산 199-730에 걸쳐 있다.

[0197]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPRPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQQPARKRLNFGQT
GDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGNRVITTSTRTWALPTYNNHLYKQISS
SSSGATNDNHYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSE
YQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYRLEYFPSQMLRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRL
MNPLIDQYLYYLARTQSSTGTSTRELQFHQAGPATMAEQSKNWLPGPCFRQQRISKTTDNNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLTNPG
VPMATHRDDESVFFPINGVLVFGKTGASNKTTLENVLMTDEEEIKATNPVATEEYGVVSSNIQSQNSNPTTQTVNNQGALPGMVWQ
NRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENSKR
WNPEIQYTSNYDKQTGVDFAVDTQGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0198] 마모셋원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bma.42로 표시됨)을 서열 번호 51 (아미노산 1-736)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 51의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 51의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0199]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDTESVPDPQPLREPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKPFNIQVKEVTTNEGTKTIANNPTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSARQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGDNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDEDRFFPSSGVLIFGKQGAGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTLAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0200] 마모셋원숭이로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bma.43으로 표시됨)을 서열 번호 52 (아미노산 1-736)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 52의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 52의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0201]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGANTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLREPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINSNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDEDRFFPSSGVLIFGKQGAGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI

[0202]
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0203] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.1으로 표시됨)을 서열 번호 53 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 53의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 53의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0204]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKEDSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0205] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.2로 표시됨)을 서열 번호 54 (아미노산 1-716)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 54의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 54의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0206]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRALEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
GTDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0207] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.3로 표시됨)을 서열 번호 55 (아미노산 1-716)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 55의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 55의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0208]
MSFVDHPPDWFEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPANRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP

AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFGEVPLHCSFAPSQNLFKLANPLVDQHLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRPGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLTKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0209]

[0210] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.4로 표시됨)을 서열 번호 56 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다 . VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 56의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 56의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0211]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0212] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.6으로 표시됨)을 서열 번호 57 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 57의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 57의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0213]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHGISYNEQLQAGD
DPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTGGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSLEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0214] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.8로 표시됨)을 서열 번호 58 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 58의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 58의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0215]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLKPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLGRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQANPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSLITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0216] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.13으로 표시됨)을 서열 번호 59 (아미노산 1-716)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 59의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 59의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0217]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLASTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0218] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.18으로 표시됨)을 서열 번호 60 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 60의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 60의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0219]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
DPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMRRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0220] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.20으로 표시됨)을 서열 번호 61 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 61의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 61의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0221]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWGPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEGVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0222] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.23으로 표시됨)을 서열 번호 62 (아미노산 1-716)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 62의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 62의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0223]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKRDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRVDEVARERDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPLQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0224] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.24로 표시됨)을 서열 번호 63 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 63의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 63의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0225]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV

[0226]
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGECRTTRAIGTRYLTRPL

[0227] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.27로 표시됨)을 서열 번호 64 (아미노산 1-716)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 64의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 64의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0228]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVDNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMVFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYNTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0229] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.28로 표시됨)을 서열 번호 65 (아미노산 1-716)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 65의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 65의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0230]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKRDNARGLVLPGYNYLGPGNGLGRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGLRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLADQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMISNSQNAEPGTTSLYRENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0231] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.29로 표시됨)을 서열 번호 66 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 66의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 66의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0232]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESGTQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRGVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFVTQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0233] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.33로 표시됨)을 서열 번호 67 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 67의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 67의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0234]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNAHAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0235] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.35로 표시됨)을 서열 번호 68 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 68의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 68의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0236]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKRDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVGFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0237] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.36으로 표시됨)을 서열 번호 69 (아미노산 1-716)로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기의 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 69의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 69의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0238]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLEPGPPKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIGDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQPQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYLPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTSGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQVNPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYNTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSFITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0239] 돼지로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bpo.37로 표시됨)을 서열 번호 70 (아미노산 1-716)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 70의 아미노산 137-716에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 70의 아미노산 184-716에 걸쳐 있다.

[0240]
MSFVDHPPDWLEEIGEGLKEFLGLKPGPLKPKPNQQKQDNARGLVLPGYNYLGPGNGLDRGEPVNRADEVAREHDISYNEQLQAGD
NPYLKYNHADAEFQEKLADDTSFGGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEEPAKTAAKGERIDDHYPKKKKARVEETEAGTSGGQQLQIP
AQPASSLGADTMSAGGGSPLGDNNQGADGVGNASGDWHCDSTWMGDRVITKSTRTWVLPSYNNHLYKEIHSGSVDGSNANAYFGYS
TPWGYFDFNRFHSHWSPRDWQRLVNNYWGFRPRSLKVKIFNIQVKEVTVQDATTTIANNLTSTVQVFTDDDYQLPYVIGNGTEGCL
PAFPPQVFTLPQYGYATLNRNNTDDPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNSFEFTYSFEEVPFHCSFAPSQNLFKLANPLVDQYLYRFV
STDTPGNIQFQKNLKARYANTYKNWFPGPMCRTQGWYTGSGTYNRSGVTNFATSNRMDLEGASYQANPQPNGMTNTLQDSNKYALE
NTMIFNSQNAEPGTTSLYQENNLLITSESETQPVNRVAYDTGGQMATNAQSTNLAPTVGTYNHQEMLPGSVWMDRDVYLQGPIWAK
IPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVPSNVTAFSEIPVKSLITQYSTGQVTVEMEWELKKENSKRWNPEIQYTNNYNNP
EFVDFAPDTSGEYRTTRAIGTRYLTRPL

[0241] 레서스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Brh.26로 표시됨)을 서열 번호 71 (아미노산 1-736)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 71의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 71의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0242]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPANAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAIFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKGPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDDDRFFPSSGVLIFGKQGTGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI

[0243]
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0244] 레서스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Brh.27로 표시됨)을 서열 번호 72 (아미노산 1-736)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 72의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 72의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0245]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAIFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNPSGNWHCDSTRLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTSNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDDDRFFPSSGVLIFGKQGTGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKLPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0246] 레서스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Brh.28로 표시됨)을 서열 번호 73 (아미노산 1-736)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 73의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 73의 아미노산 203-736에

걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAIFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSPSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDDDRFFPSSGVLIFGKQGTGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0247]

[0248] 레서스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Brh.29로 표시됨)을 서열 번호 74 (아미노산 1-736)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 74의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 74의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAIFQAKRRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTSNNFQFSYTFEDVPFHSSCAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPGSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDDDRFFPSSGVLIFGKQGTGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPPPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0249]

[0250] 레서스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Brh.30으로 표시됨)을 서열 번호 75 (아미노산 1-736)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 75의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 75의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVFPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAIFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGRQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTPGGSTNDNTYFGYSAPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDDDRFFPSSGVLIFGKQGTGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYQQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0251]

[0252] 레서스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Brh.31로 표시됨)을 서열 번호 76 (아미노산 1-736)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 76의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 76의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAIFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
SGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK

[0253]

[0254]
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAYQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQSSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDDDRFFPSSGVLIFGKQGTGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0255] 레서스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Brh.32로 표시됨)을 서열 번호 77 (아미노산 1-736)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 77의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 77의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0256]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGASKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTVPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAYQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDDDRFFPSSGVLIFGKQGTGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0257] 레서스 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Brh.33으로 표시됨)을 서열 번호 78 (아미노산 1-736)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 78의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 78의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0258]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGASKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLKAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTVPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKTGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGLGPNTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQV
FTDSEYQLPYVLGSAYQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGSQALGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLVRTQTTGTGGTQTLAFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGAAKFKLNGRDS
LMNPGVAMASHKDDDDRFFPSSGVLIFGKQGTGNDGVDYSQVLITDEEEIKATNPVATEEYGAVAINNQAANTQAQTGLVHNQGVI

[0259]
PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPLTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWELQ
KENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0260] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.17로 표시됨)을 서열 번호 79 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 79의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 79의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0261]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTRLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLSYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQEA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVDTEGVYSEHRPIGTRYLTRNL

[0262] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.18로 표시됨)은 서열 번호 80 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백

질은 서열 번호 80의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 80의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0263]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVPGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYPQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0264] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.20으로 표시됨)은 서열 번호 81 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 81의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 81의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0265]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPPGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSFFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEREL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0266] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.21로 표시됨)은 서열 번호 82 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 82의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 82의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0267]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKERPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRFFPSSAVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVTTEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTESVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0268] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.24로 표시됨)은 서열 번호 83 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 83의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 83의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0269]
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGPDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK

QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRSHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIRTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0270]

[0271] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.25로 표시됨)은 서열 번호 84 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 84의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 84의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRLFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEVKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0272]

[0273] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.27로 표시됨)은 서열 번호 85 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 85의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 85의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVLGSARQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVDTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0274]

[0275] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.32로 표시됨)을 서열 번호 86 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 86의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 86의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFDIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL

[0276]

[0277] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.33으로 표시됨)은 서열 번호 87 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 87의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 87의 아미노산 203-736에

걸쳐 있다.

[0278]

```
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRFFPSSAVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTESVYSEPRPIGTRYLTRNL
```

[0279] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.34로 표시됨)은 서열 번호 88 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 88의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 88의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0280]

```
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDNTYFGYSTPWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYTFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVYPGVAMATNKDDEDRFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
QKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL
```

[0281] 포모산 마카크로부터 단리된 신규한 AAV 캡시드의 VP1 서열(Bfm.35로 표시됨)은 서열 번호 89 (아미노산 1-737)으로 기재하고, 관련 가변 영역 및 GBS 및 GH 루프 영역의 위치를 하기 표 2에 정의한다. VP2 캡시드 단백질은 서열 번호 89의 아미노산 138-736에 걸쳐 있고, VP3 캡시드 단백질은 서열 번호 89의 아미노산 203-736에 걸쳐 있다.

[0282]

```
MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQDDGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGGPVNAADAAALEHDKAYDQQLQAG
DNPYLRYNHADAEFRERLQEDTSFGGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIGKKGQQPAKKRLN
FGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSLGLNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRVITTSTRTWALPTYNNHLYK
QISNGTSGGSTNDSTYFGYSTPWGYFDFNRSHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLSFKLFNIQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQV
FTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGGQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNFSFSYIFEDVPFHSSYAHSQ
SLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWLPGPMYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRD
SLVNPGVAMATNKDDEDRFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVMLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNTAPIVGAVNSQGA
LPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEIEWEL
LKESSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGVYSEPRPIGTRYLTRNL
```

[0283] 바로 아래의 표 2에서, "VR"은 가변 영역을 나타내며, 숫자는 아미노산 잔기 각각의 가변 영역 또는 GBS 및 GH 루프 영역이 아미노산 서열에 걸쳐있음을 나타낸다.

[0284] 표 2

AAV	VRI	VRII	VRIII	VRIV	GBS	VRV	VRVI	VRVII	VRVIII	VRIX	GH 루프
AAV2 (서열 번호:3)	262-268	325-330	380-384	450-459	464-475	487-504	526-538	544-557	580-592	703-711	446-600
AAV4 (서열 번호:4)	256-260	316-321	372-378	444-454	459-470	481-504	526-536	542-556	579-591	702-710	440-599
AAV5 (서열 번호:5)	252-258	316-321	372-377	443-446	452-462	474-491	513-525	531-547	570-582	692-700	439-590
AAV6 (서열 번호:6)	262-269	326-331	381-385	451-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	447-601
AAV6.2 (서열 번호:7)	262-269	326-331	381-385	451-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	447-601
AAV7 (서열 번호:8)	263-270	327-332	382-386	452-462	467-478	490-507	529-541	547-559	582-594	705-713	448-602
AAV8 (서열 번호:9)	263-271	328-333	383-387	453-462	467-478	490-507	529-541	548-560	583-595	706-714	449-603
AAV9 (서열 번호:10)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVrh8 (서열 번호:11)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVrh10 (서열 번호:12)	263-271	328-333	383-387	453-462	467-478	490-507	529-541	548-560	583-595	706-714	449-603
AAVbo (서열 번호:1)	258-262	318-323	374-380	446-456	462-472	484-506	528-538	544-558	581-593	704-712	442-601
AAVBba.21 (서열 번호:15)	265-269	325-330	381-386	452-462	468-478	490-512	534-544	550-564	587-599	710-718	448-607
AAVBba.31 (서열 번호:20)	265-269	325-330	381-386	452-462	468-478	490-512	534-544	550-564	587-599	710-718	448-607
AAVBba.32 (서열 번호:21)	265-269	325-330	381-386	452-462	468-478	490-512	534-544	550-564	587-599	710-718	448-607
AAVBba.33 (서열 번호:22)	265-269	325-330	381-386	452-462	468-478	490-512	534-544	550-564	587-599	710-718	448-607

[0285]

AAV	VRI	VRII	VRIII	VRIV	GBS	VRV	VRVI	VRVII	VRVIII	VRIX	GH 루프
AAVBpo.1 (서열 번호:53)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.2 (서열 번호:54)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.3 (서열 번호:55)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.4 (서열 번호:56)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.6 (서열 번호:57)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.8 (서열 번호:58)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.13 (서열 번호:59)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.18 (서열 번호:60)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.20 (서열 번호:61)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.23 (서열 번호:62)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.24 (서열 번호:63)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.27 (서열 번호:64)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.28 (서열 번호:65)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.29 (서열 번호:66)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.33 (서열 번호:67)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.35 (서열 번호:68)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582

[0286]

[0287]

AAV	VRI	VRII	VRIII	VRIV	GBS	VRV	VRVI	VRVII	VRVIII	VRIX	GH 루프
AAVBpo.36 (서열 번호:69)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVBpo.37 (서열 번호:70)	243-249	307-312	363-368	434-437	443-453	465-483	505-517	523-539	562-574	684-692	430-582
AAVmo (서열 번호:2)	249-252	310-315	366-371	437-439	443-455	467-484	507-519	525-533	556-568	679-689	433-576
AAVBce.14 (서열 번호:32)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBce.15 (서열 번호:33)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBce.16 (서열 번호:34)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBce.17 (서열 번호:35)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBce.18 (서열 번호:36)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBce.20 (서열 번호:37)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBma.42 (서열 번호:51)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBma.43 (서열 번호:52)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBce.39 (서열 번호:40)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBce.40 (서열 번호:41)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBce.41 (서열 번호:42)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVBce.42 (서열 번호:43)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602
AAVanc110 (서열 번호:14)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-602

[0288]

AAV	VRI	VRII	VRIII	VRIV	GBS	VRV	VRVI	VRVII	VRVIII	VRIX	GH 루프
AAVanc80 (서열 번호:13)	262-269	326-331	381-385	451-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	447-601
AAVBce.35 (서열 번호:38)	258-265	322-327	377-381	447-455	460-471	483-500	522-534	540-552	575-587	698-706	443-595
AAVBce.36 (서열 번호:39)	258-265	322-327	377-381	447-455	460-471	483-500	522-534	540-552	575-587	698-706	443-595
AAVBce.43 (서열 번호:44)	258-265	322-327	377-381	447-455	460-471	483-500	522-534	540-552	575-587	698-706	443-595
AAVBce.44 (서열 번호:45)	258-265	322-327	377-381	447-455	460-471	483-500	522-534	540-552	575-587	698-706	443-595
AAVBce.45 (서열 번호:46)	258-265	322-327	377-381	447-455	460-471	483-500	522-534	540-552	575-587	698-706	443-595
AAVBce.46 (서열 번호:47)	258-265	322-327	377-381	447-455	460-471	483-500	522-534	540-552	575-587	698-706	443-595
AAVBcy.20 (서열 번호:48)	258-265	322-327	377-381	447-455	460-471	483-500	522-534	540-552	575-587	698-706	443-595
AAVBcy.22 (서열 번호:49)	258-265	322-327	377-381	447-455	460-471	483-500	522-534	540-552	575-587	698-706	443-595
AAVBcy.23 (서열 번호:50)	258-265	322-327	377-381	447-455	460-471	483-500	522-534	540-552	575-587	698-706	443-595
AAVBba.26 (서열 번호:16)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.27 (서열 번호:17)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.29 (서열 번호:18)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.30 (서열 번호:19)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.34 (서열 번호:23)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.35 (서열 번호:24)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604

[0289]

AAV	VRI	VRII	VRIII	VRIV	GBS	VRV	VRVI	VRVII	VRVIII	VRIX	GH 루프
AAVBba.36 (서열 번호:25)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.37 (서열 번호:26)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.38 (서열 번호:27)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.41 (서열 번호:28)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.42 (서열 번호:29)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.43 (서열 번호:30)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBba.44 (서열 번호:31)	265-271	328-333	383-387	453-464	469-480	492-508	531-543	549-561	584-596	707-715	449-604
AAVBrh.26 (서열 번호:71)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-601
AAVBrh.27 (서열 번호:72)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-601
AAVBrh.28 (서열 번호:73)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-601
AAVBrh.29 (서열 번호:74)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-601
AAVBrh.30 (서열 번호:75)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-601
AAVBrh.31 (서열 번호:76)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-601
AAVBrh.32 (서열 번호:77)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-601
AAVBrh.33 (서열 번호:78)	262-270	327-332	382-386	452-460	465-476	488-505	527-539	545-558	581-593	704-712	448-601
AAVBfm.17 (서열 번호:79)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602

[0290]

AAV	VRI	VRII	VRIII	VRIV	GBS	VRV	VRVI	VRVII	VRVIII	VRIX	GH 루프
AAVBfm.18 (서열 번호:80)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602
AAVBfm.20 (서열 번호:81)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602
AAVBfm.21 (서열 번호:82)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602
AAVBfm.24 (서열 번호:83)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602
AAVBfm.25 (서열 번호:84)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602
AAVBfm.27 (서열 번호:85)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602
AAVBfm.32 (서열 번호:86)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602
AAVBfm.33 (서열 번호:87)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602
AAVBfm.34 (서열 번호:88)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602
AAVBfm.35 (서열 번호:89)	262-270	327-332	382-386	452-461	466-477	489-506	528-540	546-559	582-594	705-713	448-602

[0291] 전이유전자

[0292] 전이유전자는 관심있는 폴리펩타이드, 단백질 또는 다른 생성물을 암호화하는, 전이유전자에 측접한 벡터 서열들과는 이종성인 핵산 서열이다. 핵산 암호화 서열은 숙주 세포에서 전이유전자 전사, 번역 및/또는 발현을 허용하는 방식으로 조절 성분에 작동 가능하게 연결된다.

[0293] 전이유전자 서열의 조성은 수득된 벡터가 사용될 용도에 따라 달라질 것이다. 예를 들어, 일 유형의 전이유전자 서열은 발현시 검출가능한 신호를 생성하는 리포터 서열을 포함한다. 이러한 리포터 서열은 β-락타마제, β-갈락토시다아제 (LacZ), 알칼리 포스파타제, 티미딘 키나아제, 녹색 형광 단백질 (GFP), 클로람페니콜 아세틸기전달효소 (CAT), 루시퍼라제, 막 결합 단백질 (예를 들어, CD2, CD4, CD8 포함), 인플루엔자 헤마글루티닌 단백질 및 기타 당업계에 공지된 것들 (이에 대한 고친화성 항체가 존재하거나, 또는 다른 종래의 수단에 의해 생산될

수 있는 것들), 특히 헤마토글루타닌 또는 Myc 유래의, 항원 태그 도메인에 적절하게 융합된 막 결합된 단백질을 포함하는 융합 단백질을 암호화하는 DNA 서열을 포함하나, 이에 제한되지 않는다.

[0294] 이러한 암호화 서열은, 이의 발현을 구동하는 조절 요소와 연관될 때, 효소, 방사선, 비색계, 형광 또는 기타 분광 분석, 형광 활성화 세포 분류 분석 및 면역학적 검정 [효소 연결된 면역흡착 검정 (ELISA), 방사면역검정 (RIA) 및 면역조직화학을 포함함]을 포함하는 통상적 수단에 의하여 검출가능한 신호를 제공한다. 예를 들어, 마커 서열이 LacZ 유전자일 경우, 신호를 보유하는 벡터의 존재는 베타-갈락토시다아제 활성에 대한 검정에 의해 검출된다. 전이유전자가 녹색 형광 단백질 또는 루시퍼라제인 경우, 신호를 전달하는 벡터는 발광측정계에서 색 또는 광 생성에 의해 육안으로 측정될 수 있다.

[0295] 그러나, 바람직하게는, 전이유전자는 단백질, 펩타이드, RNA, 효소, 우성 음성 돌연변이체 또는 촉매 RNA와 같은 생물학 및 의학에 유용한 생성물을 암호화하는 비-마커 서열이다. 바람직한 RNA 분자는 tRNA, dsRNA, 리보솜 RNA, 촉매 RNA, siRNA, 작은 헤어핀 RNA, 트랜스-스플라이싱 RNA 및 안티센스 RNA를 포함한다. 유용한 RNA 서열의 한 예는 치료된 동물에서 표적화된 핵산 서열의 발현을 억제하거나 소멸시키는 서열이다. 전형적으로, 적합한 표적 서열은 종양 표적 및 바이러스성 질환을 포함한다. 그러한 표적의 예시로서, 면역원과 관련된 하기 섹션에서 식별된 종양학적 표적 및 바이러스를 참고한다.

[0296] 전이유전자는 정상 유전자가 정상 수준보다 적게 발현되는 결핍, 또는 기능성 유전자 생성물이 발현되지 않는 결핍을 포함할 수 있는 유전자 결핍을 교정하거나 개선하는데 사용될 수 있다. 바람직한 유형의 전이유전자 서열은 숙주 세포에서 발현되는 치료용 단백질 또는 폴리펩타이드를 암호화한다. 본 발명은 또한, 예를 들어, 다중-서브유닛 단백질에 의해 야기된 유전자 결함을 보완하거나 개선하기 위해, 다중 전이유전자를 이용하는 것을 포함한다. 특정 상황에서는 단백질의 각 서브유닛을 암호화하거나 다른 펩타이드 또는 단백질을 암호화하기 위해 상이한 전이유전자를 사용할 수 있다. 이것은 단백질 서브유닛를 암호화하는 DNA의 크기가 큰 경우, 예를 들어 면역글로불린, 혈소판-유래 성장인자 또는 디스트로핀 단백질의 경우에 바람직하다. 세포가 다중-서브유닛 단백질을 생산하도록 하기 위하여, 세포는 상이한 서브유닛 각각을 함유하는 재조합 바이러스에 의해 감염된다. 대안적으로, 단백질의 상이한 서브유닛는 동일한 전이유전자에 의해 암호화될 수 있다. 이 경우, 단일 전이유전자는 서브유닛 각각을 암호화하는 DNA를 포함하며, 각 서브유닛의 DNA는 내부 라이보자임 입구 부위 (IRES)에 의해 분리된다. 이것은 서브유닛의 각각을 암호화하는 DNA의 크기가 작은 경우, 예를 들어 서브유닛 및 IRES를 암호화하는 DNA의 전체 크기가 5 킬로베이스 미만인 경우에 바람직한다. IRES의 대안으로서, DNA는 번역 후 사건에서 자가-절단하는 2A 펩타이드를 암호화하는 서열에 의해 분리될 수 있다. 참고: 예컨대, Donnelly *et al, J. Gen. virol.*, 78(Pt 1):13-21 (January 1997); Furler, *et al, Gene Ther.*, 8(11):864-873 (June 2001); Klump *et al., Gene Ther.*, 8(10):811-817 (May 2001). 이 2A 펩타이드는 IRES보다 현저히 작으므로 공간이, 제한 요소일 때 사용하기에 적합하다. 더욱 종종, 전이유전자가 크거나, 다중-서브유닛으로 구성되거나, 또는 2개의 전이유전자가 공동-전달될 경우, 목적 전이유전자(들) 또는 서브유닛를 갖는 rAAV가 공동-투여되어, 이들로 하여금 *생체내* 연쇄체화(concatamerize)하도록 하여 단일 벡터 게놈을 형성시킨다. 이러한 구현예에서, 제1 AAV는 단일 전이 유전자를 발현하는 발현 카세트를 보유할 수 있고, 제2 AAV는 숙주 세포에서 공동-발현을 위한 상이한 전이유전자를 발현하는 발현 카세트를 보유할 수 있다. 그러나, 선택된 전이유전자는 어느 생물학적 활성 생성물 또는 다른 생성물, 예를 들어 연구에 바람직한 생성물을 암호화할 수 있다.

[0297] 적합한 전이유전자는 당업자에 의해 용이하게 선택될 수 있다. 전이유전자의 선택은 본 발명의 제한으로 고려되지 않는다.

[0298] 일부 구현예에서, 전이유전자는 이종 단백질이며, 그리고 이러한 이종 단백질은 치료용 단백질이다. 예시적 치료 단백질은 혈액 인자, 예컨대 β-글로빈, 헤모글로빈, 조직 플라스미노겐 활성인자, 및 응집 인자; 콜로니 자극 인자 (CSF); 인터류킨, 예컨대 IL-1, IL-2, IL-3, IL-4, IL-5, IL-6, IL-7, IL-8, IL-9 등; 성장 인자, 예컨대 각질세포 성장 인자 (KGF), 줄기 세포 인자 (SCF), 섬유아세포 성장 인자 (FGF, 예컨대 염기성 FGF 및 산성 FGF), 간세포 성장 인자 (HGF), 인슐린-유사 성장 인자 (IGF), 골 형태형성 단백질 (BMP), 표피 성장 인자 (EGF), 성장 분화 인자-9 (GDF-9), 간암 유래 성장 인자 (HDGF), 미오스타틴 (GDF-8), 신경 성장 인자 (NGF), 뉴로트로핀, 혈소판-유래 성장 인자 (PDGF), 트롬보포이에틴 (TPO), 형질전환 성장 인자 알파 (TGF-α), 형질전환 성장 인자 베타 (TGF-β) 등; 가용성 수용체, 예컨대 가용성 TNF-α 수용체, 가용성 VEGF 수용체, 가용성 인터류킨 수용체 (예컨대, 가용성 IL-1 수용체 및 가용성 유형 Ⅱ IL-1 수용체), 가용성 γ/δ T 세포 수용체, 가용성 수용체의 리간드-결합 단편, 등; 효소, 예컨대 α-글루코시다제, 이미글루카라제, β-글루코세레브로시다아제, 및 알글루세라제; 효소 활성인자, 예컨대 조직 플라스미노겐 활성인자; 케모카인, 예컨대 1P-10, 인터페론-감마에 의하여 유도된 모노카인(Mig), Groα/IL-8, RANTES, MIP-1α, MIP-1β, MCP-1, PF-4 등; 혈관형성

제제, 예컨대 혈관 내피 성장 인자 (VEGF, 예컨대, VEGF121, VEGF165, VEGF-C, VEGF-2), 신경교종-유래 성장 인자, 안지오제닌, 안지오제닌-2 등; 항-혈관형성 제제, 예컨대 가용성 VEGF 수용체; 단백질 백신; 신경활성 펩타이드, 예컨대 신경 성장 인자 (NGF), 브라디키닌, 콜레시스토키닌, 가스트린, 세크레틴, 옥시토신, 고나도트로핀-방출 호르몬, 베타-엔도르핀, 엔케팔린, 물질 P, 소마토스타틴, 프로락틴, 갈라닌, 성장 호르몬-방출 호르몬, 봄베신, 다이노르핀, 와파린, 뉴로텐신, 모틸린, 티로트로핀, 신경펩티드 Y, 황체형성 호르몬, 칼시토닌, 인슐린, 글루카곤, 바소프레신, 안지오텐신 Ⅱ, 티로트로핀-방출 호르몬, 혈관활성 장관 펩타이드, 수면 펩타이드 등; 혈전용해성 제제; 심방 나트륨이뇨 펩타이드; 릴렉신; 신경교세포 산성 단백질; 여포 자극 호르몬 (FSH); 인간 알파-1 항트립신; 백혈병 억제성 인자 (LIF); 조직 인자, 황체형성 호르몬; 대식세포 활성화 인자; 종양 괴사 인자 (TNF); 호중구 화학주성 인자 (NCF); 메탈로프로테아나제의 조직 억제제; 혈관활성 장관 펩타이드; 안지오제닌; 안지오트로핀; 피브린; 히루딘; IL-1 수용체 길항제; 등을 포함하나, 이에 제한되지 않는다. 관심 단백질의 일부 기타 비제한적 예시는 하기를 포함한다: 모양체 신경영양 인자 (CNTF); 뇌-유래 신경영양 인자 (BDNF); 뉴로트로핀 3 및 4/5 (NT-3 및 4/5); 아교 세포 유도 신경영양 인자 (GDNF); 방향족 아미노산 데카르복실라제 (AADC); 혈우병 관련 응고 단백질, 예컨대 인자 Ⅷ, 인자 Ⅸ, 인자 X; 디스트로핀, 미니-디스트로핀, 또는 마이크로디스트로핀; 리소좀 산 리파제; 페닐알라닌 하이드록실라제 (PAH); 글리코겐 저장 질환-관련 효소, 예컨대 글루코스-6-포스파타제, 산 말타제, 글리코겐 탈분지화 효소, 근육 글리코겐 포스포릴라제, 간 글리코겐 포스포릴라제, 근육 포스포프룩토키나제, 포스포릴라제 키나제 (예컨대, PHKA2), 글루코스 수송체 (예컨대, GLUT2), 알도라제 A, β-에놀라제, 및 글리코겐 신타제; 리소좀 효소 (예컨대, 베타-N-아세틸헥소스아미니다제 A); 및 이의 어느 변이체.

[0299] 일 바람직한 구현예에서, 전이유전자는 디스트로핀 기능을 회복시키는 단백질을 암호화하며, 그리고 뒤센 근이영양증 치료에 유용하다. 뒤센 근이영양증은 단백질 디스트로핀을 암호화하는 X-연관 유전자의 결실이나 돌연변이로 인해 발생하는 퇴행성 근육 질환이다. 기능성 디스트로핀의 부재는 근육 섬유의 퇴행, 염증 및 괴사를 야기한다. 디스트로핀 유전자는 인간 게놈에서 가장 큰 공지된 유전자로, 2.5Mb 초과의 인간 X 염색체를 커버한다. 디스트로핀 유전자는 79개의 엑손을 가지고 있으며, 이의 전사물은 3,685 개의 아미노산으로 구성된 단백질을 암호화하는 11kb RNA 전사체를 생성시킨다. 야생형 디스트로핀을 암호화하는 전이유전자는 공지된 유전자 치료 벡터 시스템의 패킹 한계를 초과한다. 패키징 한계를 극복하기 위하여, 조작된 합성 버전의 디스트로핀이 생성되었다. 본원에 사용된 "마이크로디스트로핀" 또는 "미니디스트로핀"은, 절단체이나 기능성 디스트로핀을 암호화하는 전이유전자를 지칭하며, 이는 WO2016177911, WO2015197869, 및 미국 특허 출원 공개 번호 US2008249052에 기술되었다 (이의 각각은 그 전체가 본원에 참고로 편입됨). 마이크로디스트로핀의 예시적 예시는 하기를 포함한다: MD1 (스펙트린 유사 반복체 4 내지 23가 부재하고, 그리고 C-말단 도메인이 결핍된 마이크로디스트로핀), MD3 (스펙트린-유사 반복체 4-23이 결핍하고, 한편 스펙트린-유사 반복체 1, 2, 3, 및 24를 보유하고, 그리고 추가로 C-말단 도메인의 코일형-코일(coiled coil) 영역 나선 1 및 2를 암호화하는 C-말단 도메인의 엑손 70-75를 보유하는, 코돈 최적화된 마이크로디스트로핀), 및 MD4 (인간 MD3과 동일함, 단, 이는 전체 C-말단 도메인(엑손 70-79 모두)을 보유함).

[0300] <u>조절성 조절 요소</u>

[0301] AAV 벡터는 또한 플라스미드 벡터로 형질감염되거나 또는 본 발명에 의해 생성된 바이러스에 의해 감염된 세포에서 그의 전사, 번역 및/또는 발현을 허용하는 방식으로, 전이유전자에 작동가능하게 연결된 통상적인 조절 요소를 포함한다. 본원에 사용된 바와 같이, "작동가능하게 연결된(operably linked)" 서열은 관심 대상의 유전자와 인접한 발현 조절 서열 및 관심 대상의 유전자를 조절하기 위해 트랜스 방식으로 또는 원거리 작용하는 발현 조절 서열을 모두 포함한다.

[0302] 발현 조절 서열은 적절한 전사 개시, 종결, 프로모터 및 인핸서 서열; 효율적인 RNA 가공 신호, 예컨대 스플라이싱 및 폴리아데닐화 (polyA) 신호; 세포질 mRNA를 안정화시키는 서열; 번역 효율을 증진시키는 서열[즉, 코작(Kozak) 공통 서열]; 단백질 안정성을 증진시키는 서열; 및 필요 시 암호화된 생성물의 분비를 증진시키는 서열을 포함한다. 천연, 항시성(constitutive), 유도성 및/또는 조직-특이적인 프로모터를 포함하는 매우 다수의 발현 조절 서열이 당업계에 공지되어 있으며, 이용될 수 있다.

[0303] 항시성 프로모터의 예시는 레트로바이러스 라우스 육종 바이러스 (선택적으로, RSV 인핸서를 가짐), 사이토메갈로바이러스 (CMV) 프로모터 (선택적으로, CMV 인핸서를 가짐) [예컨대, Boshart *et al, Cell*, 41:521-530 (1985)를 참고하라], SV40 프로모터, 디하이드로폴레이트 환원효소 프로모터, β-액틴 프로모터, 포스포글리세롤 키나제 (PGK) 프로모터, 및 EF1 프로모터 [Invitrogen]를 포함하나, 이에 제한되지 않는다. 유도성 프로모터는 유전자 발현의 조절을 허용하고, 그리고 외인성으로 공급되는 화합물, 환경 인자 예컨대 온도, 또는 특정 생

리학적 상태, 예를 들어 급성기, 세포의 특정 분화 상태의 존재에 의해 조절되거나, 또는 오직 복제 세포 내에서만 조절될 수 있다. 유도성 프로모터 및 유도성 시스템은 Invitrogen, Clontech 및 Ariad를 비제한적으로 포함하는, 다양한 상업적 공급원으로부터 이용가능하다. 많은 다른 시스템이 기술되었고, 당업자에 의해 용이하게 선택될 수 있다. 외인성으로 공급된 화합물에 의해 조절되는 유도성 프로모터의 예로는, 아연-유도성 양 메탈로티오닌 (MT) 프로모터, 덱사메타손 (Dex)-유도성 마우스 유방 종양 바이러스 (MMTV) 프로모터, T7 폴리머라제 프로모터 시스템 [WO 98/10088] ; 엑디손 곤충 프로모터 [No *et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 93:3346-3351 (1996)], 테트라사이클린-억제성 시스템 [Gossen *et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 89:5547-5551 (1992)], 테트라사이클린-유도성 시스템 [Gossen *et al, Science*, 268:1766-1769 (1995) (또한 참고: Harvey *et al, Curr. Opin. Chem. Biol.*, 2:512-518 (1998)], RU486-유도성 시스템 [Wang *et al, Nat. Biotech.*, 15:239-243 (1997) 및 Wang *et al, Gene Ther.*, 4:432-441 (1997)] 및 라파마이신-유도성 시스템 [Magari *et al, J. Clin. Invest.*, 100:2865-2872 (1997)]를 포함한다. 본 맥락에서 유용할 수 있는 유도성 프로모터의 기타 유형은, 특정 생리학적 상태, 예를 들어 온도, 급성기, 또는 세포의 특정 분화 상태에 의해 조절되거나, 또는 오직 복제 세포 내에서만 조절되는 것들이다.

[0304] 또 다른 구현예에서, 전이유전자에 대한 천연 프로모터가 사용될 것이다. 전이유전자의 발현이 천연 발현을 모방해야 하는 것이 바람직한 경우, 천연 프로모터가 바람직할 수 있다. 전이유전자의 발현이 일시적으로 또는 발달적으로 또는 조직-특이적인 방식으로 또는 특정 전사 자극에 반응하여 조절되어야 하는 경우 천연 프로모터를 사용할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 천연 발현 조절 요소, 예를 들어 인핸서 요소, 폴리아데닐화 부위 또는 코작 공통 서열이 또한 천연 발현을 모방하기 위해 사용될 수 있다.

[0305] 전이유전자의 또 다른 구현예는 조직-특이적 프로모터에 작동 가능하게 연결된 유전자를 포함한다. 예를 들어 골격근에서 발현이 바람직한 경우, 근육에서 활성화된 프로모터를 사용해야 한다. 이들은 골격성 β-액틴, 미오신 경쇄 2A, 디스트로핀, 근육 크레아틴 키나아제, 뿐만 아니라 자연-발생적 프로모터보다 높은 활성을 갖는 합성 근육 프로모터를 암호화하는 유전자 유래의 프로모터를 포함한다 (참고: *Li et al., Nat. Biotech.*, 17:241-245 (1999)). 조직-특이적인 프로모터의 예시는 그 중에서도, 간 (알부민, Miyatake *et al., J. virol.*, 71:5124-32 (1997); B형 간염 바이러스 코어 프로모터, Sandig *et al., Gene Ther.*, 3:1002-9 (1996); 알파-태아 단백질 (AFP), Arbuthnot *et al., Hum. Gene Ther.*, 7:1503-14 (1996)), 골 오스테오칼신 (Stein *et al., Mol. Biol. Rep.*, 24:185-96 (1997)); 골 시알로당단백질 (Chen *et al., J. Bone Miner. Res.*, 11:654-64 (1996)), 림프구 (CD2, Hansal *et al., J. Immunol.*, 161:1063-8 (1998); 면역글로불린 중쇄; T 세포 수용체 쇄), 신경원, 예컨대 뉴런-특이적 에놀라제 (NSE) 프로모터 (Andersen *et al., Cell. Mol. Neurobiol.*, 13:503-15 (1993)), 신경세사 경-쇄 유전자 (Piccioli *et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 88:5611-5 (1991)), 및 뉴런-특이적 vgf 유전자 (Piccioli *et al., Neuron*, 15:373-84 (1995))가 알려져있다.

[0306] 선택적으로, 치료학적으로 유용한 전이유전자를 보유하는 플라스미드는 또한 선택가능한 마커를 포함할 수 있으며, 또는 리포터 유전자는 특히 게네티신, 하이그로마이신 또는 퓨리마이신 저항성을 암호화하는 서열을 포함할 수 있다. 그러한 선택가능한 리포터 또는 마커 유전자 (바람직하게는 본 발명의 방법에 의해 구제될 바이러스 게놈 외부에 위치함)는 암피실린 저항성과 같은 박테리아 세포에서 플라스미드의 존재를 신호화하는데 사용될 수 있다. 플라스미드의 다른 성분은 복제 기원을 포함할 수 있다. 이들 및 다른 프로모터 및 벡터 요소의 선택은 통상적이며, 많은 그러한 서열이 이용 가능하다 [예를 들어, Sambrook 등 및 그의 인용 문헌 참조].

[0307] <u>재조합 AAV 생산 방법</u>

[0308] 본 발명은 곤충 또는 포유동물 세포에서 재조합 AAV를 생산하는 물질 및 방법을 제공한다. 일부 구현예에서, 바이러스 작제물은 프로모터 및 상기 프로모터의 다운스트림에서의 제한 효소를 추가로 포함하여, 하나 이상의 관심 단백질을 암호화하는 폴리뉴클레오타이드의 삽입을 가능하도록 하고, 여기서 프로모터 및 제한 부위는 5'AAV ITR의 다운스트림에, 그리고 3' AAV ITR의 업스트림에 위치한다. 일부 구현예에서, 바이러스 작제물은, 제한 부위의 다운스트림, 및 3' AAV ITR의 업스트림에 전사후 조절 요소를 추가로 포함한다. 일부 구현예에서, 바이러스 작제물은 제한 효소 부위에 삽입되고 프로모터와 작동 가능하게 연결된 폴리뉴클레오타이드를 추가로 포함하며, 여기서 폴리뉴클레오타이드는 목적 단백질의 암호화 영역을 포함한다. 숙련된 당업자가 알 수 있듯이, 본원에 개시된 AAV 벡터 중 어느 하나가 재조합 AAV를 생산하기 위한 바이러스 작제물로서 상기 방법에서 사용될 수 있다.

[0309] 일부 구현예에서, 헬퍼 기능은 아데노 바이러스 또는 배큘로바이러스 헬퍼 유전자를 포함하는 하나 이상의 헬퍼 플라스미드 또는 헬퍼 바이러스에 의해 제공된다. 아데노 바이러스 또는 배큘로바이러스 헬퍼 유전자의 비제한

적인 예는 AAV 패키징에 헬퍼 기능을 제공할 수 있는 E1A, E1B, E2A, E4 및 VA를 포함하나 이에 한정되지 않는다.

[0310] AAV의 헬퍼 바이러스는 당업계에 공지되어 있으며, 그리고 예를 들어, 과(family) 아데노비리대(*Adenoviridae*) 및 과 헤르페스비리대(*Herpesviridae*) 유래의 바이러스를 포함한다. AAV의 헬퍼 바이러스의 예시는 미국 출원 공개 20110201088 (이의 개시 내용은 본원에 참고로 포함됨)에 기재된 SAdV-13 헬퍼 바이러스 및 SAdV-13 유사 헬퍼 바이러스, 헬퍼 벡터 pHELP (Applied viromics)를 포함하나, 이에 제한되지 않는다. 당업자는 AAV에 적절한 헬퍼 기능을 제공할 수 있는 AAV의 어느 헬퍼 바이러스 또는 헬퍼 플라스미드를 본원에서 사용할 수 있음을 이해할 것이다.

[0311] 일부 구현예에서, AAV cap 유전자는 플라스미드에 존재한다. 플라스미드는 AAV rep 유전자를 추가로 포함할 수 있다. 어느 AAV 혈청형 (AAV1, AAV2, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV10, AAV11, AAV12, AAV13 및 이들의 어느 변이체를 비제한적으로 포함함) 유래의 cap 유전자 및/또는 rep 유전자는 본원에서 재조합 AAV를 생성하는데 사용된다. 일부 구현예에서, AAV cap 유전자는 혈청형 1, 혈청형 2, 혈청형 4, 혈청형 5, 혈청형 6, 혈청형 7, 혈청형 8, 혈청형 9, 혈청형 10, 혈청형 11, 혈청형 12, 혈청형 13 또는 이의 변이체 유래의 캡시드를 암호화한다.

[0312] 일부 구현예에서, 곤충 또는 포유동물 세포는 헬퍼 플라스미드 또는 헬퍼 바이러스, 바이러스 작제물 및 AAV cap 유전자를 암호화하는 플라스미드로 형질 감염될 수 있으며; 재조합 AAV 바이러스는 공동-형질 감염 후 다양한 시점에서 수집될 수 있다. 예를 들어, 재조합 AAV 바이러스는 공동-형질감염 후 약 12시간, 약 24시간, 약 36시간, 약 48시간, 약 72시간, 약 96시간, 약 120시간, 또는 이들 임의의 두 시점들 사이의 시간에서 수집될 수 있다.

[0313] 재조합 AAV는 또한 감염성 재조합 AAV를 생산하기에 적합한 당업계에 공지된 어느 통상적인 방법을 사용하여 생산될 수 있다. 일부 경우에서, AAV 입자 생산에 필요한 일부 구성요소를 안정적으로 발현하는 곤충 또는 포유동물 세포를 사용하여 재조합 AAV를 생산할 수 있다. 예를 들어, AAV rep 및 cap 유전자를 포함하는 플라스미드 (또는 다중 플라스미드), 및 네오마이신 저항성 유전자와 같은 선택가능한 마커가 세포의 게놈에 통합될 수 있다. 곤충 또는 포유동물 세포는 이후 헬퍼 바이러스 (예를 들어, 헬퍼 기능을 제공하는 아데노 바이러스 또는 배큘로바이러스), 및 5 '및 3' AAV ITR을 포함하는 바이러스 벡터 (및 원할 경우, 이종 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열)로 공동-감염될 수 있다. 이 방법의 장점은 세포가 선택 가능하고 재조합 AAV의 대규모 생산에 적합하다는 것이다. 다른 비제한적인 예로서, 플라스미드보다는 아데노 바이러스 또는 배큘로바이러스가 rep 및 cap 유전자를 패키징 세포로 도입시키는데 사용될 수 있다. 또 다른 비제한적 예로서, 5 '및 3' AAV LTR 및 rep-cap 유전자를 함유하는 바이러스 벡터 둘 모두는 생산자 세포의 DNA에 안정적으로 통합될 수 있고, 헬퍼 기능이 야생형 아데노 바이러스에 의하여 제공되어 재조합 AAV를 생산할 수 있다.

[0314] <u>AAV 생산에 사용되는 세포 유형</u>

[0315] 본 발명의 AAV 벡터를 포함하는 바이러스 입자는 AAV 또는 생물학적 생성물의 생산을 허용하고, 배양물에서 유지될 수 있는 어느 무척추 세포 유형을 사용하여 생산될 수 있다. 예를 들어, 사용되는 곤충 세포주는 스포도프테라 프루기페르다(*Spodoptera frugiperda)*, 예컨대 Sf9, SF21, SF900+, 초파리(drosophila) 세포주, 모기 세포주, 예컨대, 흰줄숲모기(*Aedes albopictus)* 유도 세포주, 국내 누에 세포주, 예컨대 봄빅시모리(*Bombyxmori*) 세포주, 양배추금무늬나방류(*Trichoplusia ni)* 세포주, 예컨대 하이 파이브(High Five) 세포, 또는 인시류(Lepidoptera) 세포주, 예컨대 검은마녀나방류(*Ascalapha odorata*) 세포주 유래의 것일 수 있다. 바람직한 곤충 세포는 하이 파이브 (High Five), Sf9, Se301, SeIZD2109, SeUCR1, Sf900+, Sf21, BTI-TN-5B1-4, MG-1, Tn368, HzAm1, BM-N, Ha2302, Hz2E5 및 Ao38을 포함하는, 배큘로바이러스 감염에 취약한 곤충 종 유래의 세포이다.

[0316] 배큘로바이러스는 절지동물의 외피 DNA 바이러스이며, 이의 2개 구성원은 세포 배양에서 재조합 단백질을 생산하기 위한 발현 벡터로 잘 알려져 있다. 배큘로바이러스는 순환하는 이중-가닥 게놈 (80-200kbp)를 가지고 있는데, 이것은 특정 세포에 대량의 게놈 함량을 전달할 수 있도록 조작될 수 있다. 벡터로서 사용되는 바이러스는 일반적으로 *오토그라파 칼리포니카* 멀티캡시드 핵다각체 바이러스 (AcMNPV) 또는 *봄빅스 모리* (Bm NPV) (Kato et al., 2010)이다.

[0317] 배큘로바이러스는 재조합 단백질의 발현을 위한 곤충 세포의 감염에 통상 사용된다. 특히, 곤충에서의 이종 유전자의 발현은 예를 들어 하기에 기술된 바와 같이 달성될 수 있다: 미국 특허 번호 4,745,051; Friesen et al

(1986); EP 127,839; EP 155,476; Vlak et al (1988); Miller et al (1988); Carbonell et al (1988); Maeda et al (1985); Lebacq-Verheyden et al (1988); Smith et al (1985); Miyajima et al (1987); 및 Martin et al (1988). 수많은 배큘로바이러스 균주 및 변이체 및 단백질 생산에 사용될 수 있는 상응하는 허용 곤충 숙주 세포는 하기에 기술된다: Luckow et al (1988), Miller et al (1986); Maeda et al (1985) 및 McKenna (1989).

[0318] 본 발명의 다른 양태에서, 본 발명의 방법은 또한 AAV의 복제 또는 생물학적 생성물의 생산을 허용하고, 배양물에서 유지될 수 있는 어느 포유동물 세포 유형에 의해 수행된다. 사용된 바람직한 포유동물 세포는 HEK293, HeLa, CHO, NSO, SP2/0, PER.C6, Vero, RD, BHK, HT 1080, A549, Cos-7, ARPE-19 및 MRC-5 세포일 수 있다.

[0319] <u>시험관내 이종 단백질의 생산</u>

[0320] 비제한적인 예로서, 본원에 개시된 재조합 AAV는 *시험관내*에서, 예를 들어 세포 배양물에서 목적 단백질을 생산하기 위하여 사용될 수 있다. 일 비제한적인 예로서, 일부 구현예에서, 이종 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 재조합 AAV를 제공하는 단계; 및 재조합 AAV가 세포 내에서 목적 단백질을 발현시키도록, 재조합 AAV를 세포 배양 물에서 세포와 접촉시키는 단계를 포함하는, *시험관내*에서 목적 단백질을 생산하는 방법이 제공된다. 관심 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열의 크기는 가변될 수 있다. 예를 들어, 뉴클레오타이드 서열은, 적어도 약 1.4 kb, 적어도 약 1.5 kb, 적어도 약 1.6 kb, 적어도 약 1.7 kb, 적어도 약 1.8 kb, 적어도 약 2.0 kb, 적어도 약 2.2 kb, 적어도 약 2.4 kb, 적어도 약 2.6 kb, 적어도 약 2.8 kb, 적어도 약 3.0 kb, 적어도 약 3.2 kb, 적어도 약 3.4 kb, 적어도 약 3.5 kb 길이, 적어도 약 4.0 kb 길이, 적어도 약 5.0 kb 길이, 적어도 약 6.0 kb 길이, 적어도 약 7.0 kb 길이, 적어도 약 8.0 kb 길이, 적어도 약 9.0 kb 길이, 또는 적어도 약 10.0 kb 길이일 수 있다. 일부 구현예에서, 뉴클레오타이드는 길이가 약 1.4kb 이상이다.

[0321] <u>생체내 이종 단백질의 생산</u>

[0322] 본원에 개시된 재조합 AAV는 *생체내*, 예를 들어 포유동물와 같은 동물에서 관심 단백질을 생성시키는데 사용될 수 있다. 일부 구현예는 관심 단백질을 *생체내*에서 생산하는 방법을 제공하며, 상기 방법은 관심 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열을 포함하는 재조합 AAV를 제공하는 단계; 및 재조합 AAV를 피험체에 투여함으로서, 재조합 AAV가 피험체 내 관심 단백질을 발현시키도록 하는 단계를 포함한다. 피험체는, 일부 구현예에서, 비-인간 포유동물, 예를 들어, 원숭이, 개, 고양이, 마우스 또는 소일 수 있다. 관심 단백질을 암호화하는 뉴클레오타이드 서열의 크기는 가변될 수 있다. 예를 들어, 뉴클레오타이드 서열은, 적어도 약 1.4 kb, 적어도 약 1.5 kb, 적어도 약 1.6 kb, 적어도 약 1.7 kb, 적어도 약 1.8 kb, 적어도 약 2.0 kb, 적어도 약 2.2 kb, 적어도 약 2.4 kb, 적어도 약 2.6 kb, 적어도 약 2.8 kb, 적어도 약 3.0 kb, 적어도 약 3.2 kb, 적어도 약 3.4 kb, 적어도 약 3.5 kb 길이, 적어도 약 4.0 kb 길이, 적어도 약 5.0 kb 길이, 적어도 약 6.0 kb 길이, 적어도 약 7.0 kb 길이, 적어도 약 8.0 kb 길이, 적어도 약 9.0 kb 길이, 또는 적어도 약 10.0 kb 길이일 수 있다. 일부 구현예에서, 뉴클레오타이드는 길이가 적어도 약 1.4kb이다.

[0323] <u>치료 용도</u>

[0324] 기재된 방법에 의해 생성된 재조합 AAV는 다양한 질환 또는 장애를 치료하기 위한 하나 이상의 치료용 단백질을 발현하는데 사용될 수 있다. 상기 질환의 비제한적 예시는 암 예컨대 암종, 육종, 백혈병, 림프종; 및 자가면역 질환 예컨대 다발성 경화증을 포함한다. 암의 비제한적인 예시는 식도 암종; 간세포 암종; 기저 세포 암종, 편평 세포 암종 (다양한 조직); 이행 세포 암을 포함하는 방광 암종; 기관지 암종; 결장 암종; 결장직장 암종; 위 암종; 폐의 소세포 암종 및 비-소세포 암종을 포함하는 폐 암종; 부신피질 암종; 갑상선 암종; 췌장 암종; 유방 암종; 난소 암종; 전립선 암종; 선암종; 땀샘 암종; 피지선 암종; 유두 암종; 유두 선암종; 낭샘 암종; 수질 암종; 신장 세포 암종; 동일계내 유관 암종 또는 담관 암종; 융모막암종; 정상피종; 배아 암종; 윌름 종양; 자궁경부 암종; 자궁 암종; 고환 암종; 골형성 암종; 상피 암종; 및 비인두 암종을 포함한다. 육종의 비제한적 예시는 섬유육종, 점액육종, 지방육종, 연골육종, 척색종, 골형성성 육종, 골육종, 혈관육종, 내피세포육종, 림프관육종, 림프관내피세포육종, 활막종, 중피종, 유잉(Ewing's) 육종, 평활근육종, 횡문근육종, 및 기타 연조직 육종을 포함한다. 고형 종양의 비제한적 예시는 신경교종, 성상세포종, 수모세포종, 두개인두종, 뇌실막세포종, 송과체종, 혈관모세포종, 청신경초종, 핍돌기신경교종, 뇌수막종, 흑색종, 신경아세포종, 및 망막아세포종을 포함한다. 백혈병의 비제한적인 예시는 만성 골수증식성 증후군; 급성 골수성 백혈병; 만성 림프성 백혈병 (B-세포 CLL, T-세포 CLL 전림프구성 백혈병 포함), 및 모양 세포 백혈병; 및 급성 림프구성 백혈병을 포함한다. 림프종의 예시는 B-세포 림프종, 예컨대 버킷 림프종; 호지킨 림프종; 등을 포함한다. 본원에 개시된 AAV 벡터, 재조합 바이러스 및 방법을 사용하여 치료될 수 있는 질환의 다른 비제한적 예시는, 겸상 적혈구 빈혈, 낭포성 섬유증, 리소좀성 산성 리파아제 (LAL) 결핍증 1, 테이-삭스 병, 페닐 케톤뇨증 (Phenylketonuria),

뮤코다당증, 글리코겐 저장 질환 (GSD, 예컨대, GSD 유형 Ⅰ, Ⅱ, Ⅲ, Ⅳ, Ⅴ, Ⅵ, Ⅶ, Ⅷ, Ⅸ, Ⅹ, Ⅺ, ⅩⅡ, ⅩⅢ, 및 ⅩⅣ), 갈락토스혈증, 근이영양증 (예컨대, 뒤센 근이영양증), 및 혈우병 예컨대 혈우병 A (전형적 혈우병) 및 혈우병 B [크리스마스(Christmas) 병]을 포함하는 유전적 장애를 포함한다.

[0325] 피험체 (예를 들어, 피험체의 혈청)에서 발현된 이종 단백질의 양은 다양할 수 있다. 예를 들어, 일부 구현예에서, 단백질은 피험체의 혈청에서 적어도 약 9 ㎍/㎖, 적어도 약 10 ㎍/㎖, 적어도 약 50 ㎍/㎖, 적어도 약 100 ㎍/㎖, 적어도 약 200 ㎍/㎖, 적어도 약 300 ㎍/㎖, 적어도 약 400 ㎍/㎖, 적어도 약 500 ㎍/㎖, 적어도 약 600 ㎍/㎖, 적어도 약 700 ㎍/㎖, 적어도 약 800 ㎍/㎖, 적어도 약 900 ㎍/㎖, 또는 적어도 약 1000 ㎍/㎖의 양으로 발현될 수 있다. 일부 구현예에서, 관심 단백질은 피험체의 혈청에서 약 9 ㎍/㎖, 약 10 ㎍/㎖, 약 50 ㎍/㎖, 약 100 ㎍/㎖, 약 200 ㎍/㎖, 약 300 ㎍/㎖, 약 400 ㎍/㎖, 약 500 ㎍/㎖, 약 600 ㎍/㎖, 약 700 ㎍/㎖, 약 800 ㎍/㎖, 약 900 ㎍/㎖, 약 1000 ㎍/㎖, 약 1500 ㎍/㎖, 약 2000 ㎍/㎖, 약 2500 ㎍/㎖, 또는 상기 값 중 어느 2개 사이의 범위의 양으로 발현된다. 숙련된 당업자는, 관심 단백질이 유효한 방법을 위해 요구되는 발현 수준은, 관심 특정 단백질 및 치료를 받는 피험체과 같은 비제한적인 인자에 따라 가변될 수 있고, 유효량의 상기 단백질은 과도한 실험 없이 당업계에 공지된 통상적인 방법을 사용하여 당업자가 용이하게 결정할 수 있다.

[0326] **실시예**

[0327] <u>실시예 1</u>

[0328] **자연-발생 캡시드 단백질의 단리**

[0329] 신규한 자연-발생 캡시드 단백질을 다양한 포유동물의 간 조직으로부터 단리하였다. 신선한 간 조직 (돼지)을 지역 농부들로부터 수득하였다. 냉동 간 조직 [개코원숭이, 시노몰구스 원숭이, 마모셋, 및 게잡이 원숭이 (crab-eating macaques)]을 텍사스 바이오 메디컬 (Texas Biomedical)이나 뉴 잉글랜드 영장류 연구소 (New England Primate Research Center)로부터 수득하였다. DNeasy Blood & Tissue 키트 (Qiagen 카탈로그 # 69504)를 사용하여 간 조직으로부터 게놈 DNA를 제조하였다.

[0330] 폴리머라제 연쇄 반응 (PCR)을 (초기 항온처리: 97℃, 120초, 변성 단계: 97℃, 15초, 어닐링 단계: 58℃, 60℃, 또는 62℃, 15초, 신장 단계: 72℃, 240초의 조건 하에서) 하기 프라이머를 사용하여 게놈 DNA 상에서 수행하였다: 프라이머 rep-1397-F (5'-GTGCCCTTTTACGGCTGCGTGAACTGGACCAATGAAAACTTTCC-3', 서열번호 158) 및 프라이머 cap-2872-R (5'-CCGACGGAGTGGGCAATGCCTCAGGAAATTGGCATTGCGATTCC-3', 서열 번호 159). 변성, 어닐링 및 신장 단계를 35개 주기 동안 수행하였다. 이후 반응물을 72℃에서 7분간 항온처리하고, 분석할 때까지 4℃에서 보관했다. PCR 생성물을 1% 아가로스 겔에서 전기 영동에 의해 분리하고, 겔 추출 키트 (Qiagen 카탈로그 #28704)를 사용하여 단리시키고, 그리고 제조사의 설명서에 따라서 pCR4-TOPO-TA (Invitrogen 카탈로그 # 450030)로 클로닝시켰다. 이. 콜라이(*E.Coli*), NEB5α 세포, DNA의 형질전환 후, DNA를 암피실린 저항성 콜로니로부터 제조하고, 그리고 양 말단으로부터 서열분석하여 삽입물이 AAV-관련 서열을 암호화하는지 여부를 계측하였다.

[0331] pCR4-TOPO TA 내의 삽입물이 AAV 서열과 관련될 경우, 서열-특이적 프라이머를 서열의 rep 부분에 설계하여 "어라운드 더 에피솜 PCR (around the episome PCTR)" (이하 "ATE PCR")을 수행하여, 완전한 캡시드 유전자를 수득하였다. ATE PCR은 지속적인 AAV 게놈이 동물 조직에서 원형 에피솜을 형성한다는 개념에 기반한다. 따라서, 에피솜에 존재할 수 있는 어느 AAV 서열의 대부분 또는 전부를 단리하기 위해 rep 유전자의 서열에 상응하는 "분지형" 세트의 프라이머를 사용하여 폴리펩타이드 연쇄 반응을 수행할 수 있었지만, 특히 완전한 연속 캡시드 유전자를 단리할 수 있었다. 에피솜의 다량체는 예를 들어 상동성 재조합에 의해 형성될 수 있으며, 이 경우 단일 ATE PCR 반응 유래의 1개 초과의 캡시드 유전자 (보통 동일하지는 않음)를 단리하는 것이 가능하다.

[0332] ATE PCR은 하기와 같은 2-단계 프로그램을 사용하여 표준 폴리머라제 연쇄 반응 장치에서 수행된다: 초기 항온처리: 95℃, 240초, 변성 단계: 95℃, 30초, 어닐링/신장 단계: 72℃, 300초. 변성 및 조합된 어닐링/신장 단계를 40주기 동안 수행하였다. 이후 반응물을 72℃에서 7분간 항온처리하고, 분석할 때까지 4℃에서 보관했다. PCR 생성물을 1% 아가로스 겔에서 전기 영동하였다. AAV 게놈의 다량체의 길이(~4.5 킬로베이스)인 PCR 생성물을, 겔로부터 절단하고, QIAquick 겔 추출 키트 (Qiagen 카탈로그 #28704)를 사용하여 정제하고, 그리고 제조사의 설명서에 따라 pCR4-TOPO-TA (Invitrogen 카탈로그 # 450030)로 클로닝하였다. *이. 콜라이*, NEB5α 세포, DNA의 형질전환한 후, DNA를 암피실린 저항성 콜로니로부터 제조하고, 그리고 삽입물의 전체 서열을 계측하였다.

[0333] 상기 기술된 2-단계 프로그램이 정확한 크기의 PCR 생성물을 생산하지 않을 경우, 하기 3-단계 프로그램을 사용

하였다: 초기 항온처리: 95℃, 240초, 변성 단계: 95℃, 30초, 어닐링 단계: 62℃, 64℃, 66℃, 또는 68℃, 30초, 신장 단계: 72℃, 300초. 변성, 어닐링 및 신장 단계를 40개 주기 동안 수행하였다. 이후 반응물을 72℃에서 7 분간 항온처리하고 상기와 같이 분석할 때까지 4℃에서 보관했다.

[0334] 일단 pCR4-TOPO TA의 완전한 삽입 서열이 계측되면, 이들은 BLAST 알고리즘 (NCBI 웹 사이트에서 이용 가능)을 사용하여 AAV 캡시드 유전자인 것으로 식별되었다. 공지된 AAV와 이들의 연관관계는 다양한 뉴클레오타이드 또는 아미노산 서열 정렬 프로그램 예컨대 Clustal Omega (EBI 웹 사이트에서 이용 가능) 또는 벡터 NTI (Invitrogen, Inc.)를 사용하여 계측하였다.

[0335] AAV를 생산하기 위하여, 고유의 AAV 캡시드 유전자를 발현 플라스미드 (pAAV-RC; Agilent, Inc.)에 서브클로닝하고, 이후 벡터 (pAAV 루시퍼라제)를 아데노바이러스 헬퍼 플라스미드 (pHELPER; Agilent, Inc.)와 함께 293 세포에 형질감염시켰다. AAV 생산이 3일 동안 발생하도록 두고, 그리고 이후 미정제 용해물을 세포를 3회 동결-해동함으로서 제조하였다. 잔여물을 펠렛화하고, 상청액 (미정제 AAV)을 Q-PCR로 적정하여 게놈 역가를 계측하고(캡시드가 조립 및 DNA 패키징을 할 수 있음을 확인함), 그리고 이후 다양한 세포에서 AAV에 의한 형질도입을 평가하는데 사용하였다.

[0336] 식별된 신규한 포유동물 조직-유래의 AAV 캡시드 단백질의 VP1 아미노산 서열은, 본원에 서열 번호 15 내지 89로 기재된다. 관련된 VP2 및 VP3 영역의 위치도 본 명세서에서 설명된다. 본 발명은 하기에 관한 것이다: (i) 서열 번호 15-89의 VP1 캡시드 서열 중 어느 것, 또는 서열 번호 15-89의 캡시드 서열 중 어느 것의 VP2 또는 VP3 영역에 적어도 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 동일성을 갖는 단리된AAV 캡시드 단백질, 또는 (ii) 서열 번호 15-89의 VP1 캡시드 서열 중 어느 것, 또는 서열 번호 15-89의 캡시드 서열 중 어느 것의 VP2 또는 VP3 영역을 포함하거나 상기로 구성된 단리된 AAV 캡시드 단백질. 본 발명은 또한, 상기 기술된 AAV 캡시드 단백질 중 어느 것을 포함하는 AAV 입자에 관한 것이며, 여기서 상기 AAV 입자는 하기를 추가로 포함한다: (i) AAV 역전 말단 반복부, 및 숙주 세포 내 이종 유전자의 발현을 유도하는 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이종 유전자를 포함하는 전이유전자를 갖는 핵산, 또는 (ii) 숙주 세포 내 이종 유전자의 발현을 조절하는 조절 서열에 작동가능하게 연결된 이종 유전자를 포함하는 핵산.

[0337] <u>실시예 2</u>

[0338] **조작된 키메라 캡시드 단백질의 생성**

[0339] 다양한 AAV 혈청형의 1차 VP1 아미노산 서열의 정렬은, 보존 및 가변 영역이 AAV 캡시드 단백질 내에 존재함을 식별하였다. 이 분석은 캡시드 단백질 아미노산 서열 내에서 9개의 가변 영역 (본원에서 VR Ⅰ - VR Ⅸ로 나타냄)을 식별하였다. 본 발명에서, 골격 ("수령체") 캡시드 단백질 및/또는 글리칸 결합 서열 (GBS) 영역 또는 GH 루프 영역의 9개 가변 영역들 중 하나 이상은, 상응하는 가변 영역 (들), 수령체와 상이한 아미노산 서열을 갖는 공여체 캡시드 단백질로부터의 GBS 또는 GH 루프 영역에 의하여 치환된다. pHLP19-AAV-BMRNX 발현 플라스미드 벡터를 사용하여 키메라 캡시드 단백질을 생성시켰다. AAV2의 Rep 단백질은 모든 상이한 캡시드 단백질 (VP1, VP2 및 VP3)에 대해 일관되게 사용되었다. 조작된 캡시드 유전자를 플라스미드 내 고유의 SwaI 및 AgeI 제한 효소 부위를 사용하여 pHLP19-AAV-BMRNX로 서브클로닝하고, 또한 각 캡시드 유전자의 측면에 위치시켰다.

[0340] 표 3은 본원에 기술된 바와 같이 생성되고 하기 실시예 3에 기술된 바와 같이 시험된 예시적인 조작된 키메라 캡시드 단백질을 제공한다. "골격 서열(backbone sequence)"은 VR, GBS 및/또는 GH 루프 영역(들)이 치환되거나 교환되는 골격 VP1 캡시드 서열, 즉 "수령체(recipient)"를 지칭한다. "공여체 서열(donor sequence)"은 가변 영역, GBS 및/또는 GH 루프 영역(들)이 얻어지고 수령체 골격 서열, 즉 "공여체"로 교환되는 VP1 캡시드 서열을 지칭한다. "VR" 치환은, 모든 9개의 가변 영역 (VR Ⅰ - VR Ⅸ)이 공여체로부터 수령체로 교환되어, 수득된 조작된 키메라 캡시드를 생성하는 치환을 지칭한다. "VRGBS" 치환은, 모든 9개의 가변 영역 (VR I-VR Ⅸ) 및 GBS 서열이 공여체로부터 수령체로 교환되어 수득된 조작된 키메라 캡시드를 생성하는 치환을 지칭한다. "GH" 치환은 단지 GH 루프 영역만이 공여체로부터 수령체로 교환되어 수득된 조작된 키메라 캡시드를 생성하는 치환을 지칭한다. "GH 루프(loop)" 서열은 포괄된 GBS 서열 및 공여체 유래의 영역들 사이에 산재된 모든 보존된 서열을 포함하는, 가변 영역 VR Ⅳ 내지 VR Ⅷ를 포함한다. "VRGH" 치환은 모든 9개의 가변 영역 (VR I-VR Ⅸ) 및 GH 루프 서열 (포괄된 GBS 서열 및 공여체 서열 유래의 영역들 사이에 산재된 보존된 서열을 포함함)이 공여체로부터 수령체로 교환되는 치환을 지칭한다. "PHP" 변형은, Deverman et al., *Nature Biotechnology* 34:204-209 (2016)에 기술된 바와 같이 뇌 조직에 대한 표적화를 증진시키기 위한, 7개의 아미노산 서열 TLAVPFK (서열번호: 160)의 키메라 캡시드 서열로의 삽입을 지칭한다.

[0341] 표 3:

명칭/ 서열 번호:	골격 서열	공여자 서열	치환	VP1 아미노산 서열
AAVrh.10_9GH 서열 번호: 90	**AAVrh.10**	**AAV9**	**GH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPIGEPPAGPSGLG SGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFN IQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFEFSYQFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYI PGPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMN PGPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVM ITNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQ GILPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFSQAKLASFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTDG TYSEPRPIGTRYLTRNL
AAVrh.10_9VRGBS 서열 번호: 91	**AAVrh.10**	**AAV9**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPIGEPPAGPSGLG SGTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFEFSYQFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSRTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQAKNWL PGPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGATKYHLNGRDSLVN PGVAMASHKEGEDRFFPLSGSLMFGKQGTGRDNVDADKVM LTSEEEIKTTNPVATEQYGVVATNHQSAQAQAQTGWVQNQ GILPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFSQAKLASFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEG TYSEPRPIGTRYLTRNL
AAVBce.36_9GH 서열 번호: 92	**AAVBce.36**	**AAV9**	**GH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQ QPARKRLNFGQTGDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMA AGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGNRVITTST RTWALPTYNNHLYKQISSSSSGATNDNHYFGYSTPWGYFD FNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKEV TTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSEYQLPYVLGSAHQGCLP PFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYFPSQML RTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLIDQYLY YLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYR QQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNPGPAMA SHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEE IKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGILPGM VWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPPP QILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIEW ELQKENSKRWNPEIQYTSNYDKQTGVDFAVDTQGVYSEPR PIGTRYLTRNL
AAVBce.36_9VRGBS 서열 번호: 93	**AAVBce.36**	**AAV9**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVDSPDSTSGIGKKGQ QPARKRLNFGQTGDAESVPDPQPIGEPPAAPSGLGSGTMA AGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGNRVITTST RTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNHYFGYSTPWGYF DFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLRFKLFNIQVKE VTDNNGVKTIANNLTSTVQVFSDSEYQLPYVLGSAHQGCL PPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQM LRTGNNFEFSYEFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLIDQYL YYLARTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQSKNWLPGPCF RQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGATKYHLNGRNSLTNPGVPM ASHKEGEDRFFPLSGSLVFGKQGTGRDNVDADKVLMTDEE EIKATNPVATEEYGVVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGILPG MVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHPP PQILIKNTPVPANPPETFTPAKFASFITQYSTGQVSVEIE WELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYSEP RPIGTRYLTRNL
AAV7_9VRGBS 서열 번호: 94	**AAV7**	**AAV9**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD NGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPAKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSVG SGTVAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLRFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFSDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFEFSYSFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLARTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQAKNWL PGPCFRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGATKYHLNGRNSLVN PGVAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKLM TNEEEIRPTNPVATEEYGIVATNHQSAQAQAQTGWVQNQG ILPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGL KHPPPQILIKNTPVPANPPEVFTPAKFASFITQYSTGQVS VEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNFYKSNNVEFAVNTEGV YSEPRPIGTRYLTRNL
AAV7_9GH 서열 번호: 95	**AAV7**	**AAV9**	**GH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD NGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD

[0342]

[0343]

[0344]

				QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPAKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSVG SGTVAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISSETAGSTNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLRFKLFNI QVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQVFSDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFEFSYSFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIP GPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNP GPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMI TNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQG ILPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGL KHPPPQILIKNTPVPANPPEVFTPAKFASFITQYSTGQVS VEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNFEKQTGVDFAVDSQGV YSEPRPIGTRYLTRNL
AAV6.2_9VRGBS 서열 번호: 96	**AAV6.2**	**AAV9**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPATPAAVGP TTMASGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNHYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQVFSDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFTFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLNRTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQPKNWLP GPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASKYNLNGRESIINP GTAMASHKEGEDRFFPLSGSMIFGKQGTGRDNVDADKVMI TDEEEIKATNPVATERFGTVATNHQSAQAQAQTGWVQNQG ILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGL KHPPPQILIKNTPVPANPPAEFSATKFASFITQYSTGQVS VEIEWELQKENSKRWNPEVQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGL YTEPRPIGTRYLTRPL
AAV6.2_9GH 서열 번호: 97	**AAV6.2**	**AAV9**	**GH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPATPAAVGP TTMASGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISSASTGASNDNHYFGYSTPW GYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQ VKEVTTNDGVTTIANNLTSTVQVFSDSEYQLPYVLGSAHQ GCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFP SQMLRTGNNFTFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLID QYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPG PSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNPG PAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMIT NEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGI LPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLK HPPPQILIKNTPVPANPPAEFSATKFASFITQYSTGQVSV EIEWELQKENSKRWNPEVQYTSNYAKSANVDFTVDNNGLY TEPRPIGTRYLTRPL
AAVmo_2VR 서열 번호: 98	**AAVmo**	**AAV2**	**VR**	MSFFDWLGKQYAQGAAEFWDLKSGPPAPKKARKDGSAGFN FPGHKYLGPGNSLDRGDPVDADDAAAQKHDQSYQEQLEAG DNPYLKYNHADREFQEALKDDTSFEGNLARGLFEAKKLVA EPLGLVEPELAPPSGRKRPVQSSQESGYSSSQDKRPNLDV DEEDREFAAAAAETETGSAPPTGNLGPGTMAGGGSAPIDD GSYGADGVGNASGDWHCDSTWLDNCVITRTTRTWNLPTYN NHIYKRLSSQSGASNDNHSYFGFSTPWGYFDFNRFHCHFS PRDWQRLINNNWGLRPKSLRFKIFNIQVKEVTQNDGTTTI

				SNNLTSTVQVFADTEYQLPYVIGSAHEGCLPPFPADVFML PQYGYCTLNNGSQPTPRSAFYCLEYFPSKMLRTGNSFEFT YNFEKVPFHSMWAHNQSLDRLMNPLIDQYLYYLDVTNTPS GTTTQSRFTYQKGVHTNLPEQERNWLPGPGIRNQRVSKTS ADNNNSEYSWQYSNKYVLENGRASKIAPGPAMASHKDDEE KFFPQSGVLIFGKQGSEKTNVDIEKVMITRETEINSTNPL AGGSLGAVSTNLQRGNRQAALDHTNVMGVFPGSVWQDRDI YLQGQIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKNPPPQILIKNT PVPADPPTEFNANKISSFITQYSTGQVTVEMEWELQKETS KRWNPEIQYTSNYNKSVNVHFAPDDVGNYKEFRSIGTRYL TRPL
AAVmo_2VRGH 서열 번호: 99	**AAVmo**	**AAV2**	**VRGH**	MSFFDWLGKQYAQGAAEFWDLKSGPPAPKKARKDGSAGFN FPGHKYLGPGNSLDRGDPVDADDAAAQKHDQSYQEQLEAG DNPYLKYNHADREFQEALKDDTSFEGNLARGLFEAKKLVA EPLGLVEPELAPPSGRKRPVQSSQESGYSSSQDKRPNLDV DEEDREFAAAAAETETGSAPPTGNLGPGTMAGGGSAPIDD GSYGADGVGNASGDWHCDSTWLDNCVITRTTRTWNLPTYN NHIYKRLSSQSGASNDNHSYFGFSTPWGYFDFNRFHCHFS PRDWQRLINNNWGLRPKSLRFKIFNIQVKEVTQNDGTTTI SNNLTSTVQVFADTEYQLPYVIGSAHEGCLPPFPADVFML PQYGYCTLNNGSQPTPRSAFYCLEYFPSKMLRTGNSFEFT YNFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYYLSRTNTPS GTTTQSRLQFSQAGASDIRDQSRNWLPGPCYRQQRVSKTS ADNNNSEYSWTGATKYHLNGRDSLVNPGPAMASHKDDEEK FFPQSGVLIFGKQGSEKTNVDIEKVMITDEEEIRTTNPVA TEQYGSVSTNLQRGNRQAATADVNTQGVFPGSVWQDRDIY LQGQIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKNPPPQILIKNTP VPADPPTEFNANKISSFITQYSTGQVTVEMEWELQKETSK RWNPEIQYTSNYNKSVNVHFAPDDVGNYKEFRSIGTRYLT RPL
AAVmo_9VR 서열 번호: 100	**AAVmo**	**AAV9**	**VR**	MSFFDWLGKQYAQGAAEFWDLKSGPPAPKKARKDGSAGFN FPGHKYLGPGNSLDRGDPVDADDAAAQKHDQSYQEQLEAG DNPYLKYNHADREFQEALKDDTSFEGNLARGLFEAKKLVA EPLGLVEPELAPPSGRKRPVQSSQESGYSSSQDKRPNLDV DEEDREFAAAAAETETGSAPPTGNLGPGTMAGGGSAPIDD GSYGADGVGNASGDWHCDSTWLDNCVITRTTRTWNLPTYN NHIYKQISNSTSGGSSNDNAYFGFSTPWGYFDFNRFHCHF SPRDWQRLINNNWGLRPKSLRFKIFNIQVKEVTDNNGVKI ISNNLTSTVQVFADTEYQLPYVIGSAHEGCLPPFPADVFM LPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSKMLRTGNSFEF TYNFEKVPFHSMWAHNQSLDRLMNPLIDQYLYYLSKTING SGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNWLPGPGIRQQRVSTTV TQNNNSEFAWPGASSWALNGRASKIAPGPAMASHKEGEDR FFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVNITRETEINSTNPLA GGSLGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGVFPGSVWQDRDIY LQGQIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKNPPPQILIKNTP VPADPPTEFNANKISSFITQYSTGQVTVEMEWELQKETSK RWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYKEFRSIGTRYLT RPL
AAVmo_9GH 서열 번호: 101	**AAVmo**	**AAV9**	**GH**	MSFFDWLGKQYAQGAAEFWDLKSGPPAPKKARKDGSAGFN FPGHKYLGPGNSLDRGDPVDADDAAAQKHDQSYQEQLEAG DNPYLKYNHADREFQEALKDDTSFEGNLARGLFEAKKLVA EPLGLVEPELAPPSGRKRPVQSSQESGYSSSQDKRPNLDV DEEDREFAAAAAETETGSAPPTGNLGPGTMAGGGSAPIDD GSYGADGVGNASGDWHCDSTWLDNCVITRTTRTWNLPTYN NHIYKRLNGTTSGDQSYFGFSTPWGYFDFNRFHCHFSPRD WQRLINNNWGLRPKSLRFKIFNIQVKEVTTQDSTKIISNN LTSTVQVFADTEYQLPYVIGSAHEGCLPPFPADVFMLPQY GYCTRQDGNSNNPTPRSAFYCLEYFPSKMLRTGNSFEFTY NFEKVPFHSMWAHNQSLDRLMNPLIDQYLYYLSKTINGSG QNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQRVSTTVTQ NNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNPGPAMASHKEGEDRFF PLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKTTNPVATE

[0345]

				SYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGVFPGSVWQDRDIYLQ GQIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKNPPPQILIKNTPVP ADPPTEFNANKISSFITQYSTGQVTVEMEWELQKETSKRW NPEIQYSDDSSSTSGSILHFAPDDVGNYKEFRSIGTRYLT RPL
AAVmo_9VRGH 서열 번호: 102	**AAVmo**	**AAV9**	**VRGH**	MSFFDWLGKQYAQGAAEFWDLKSGPPAPKKARKDGSAGFN FPGHKYLGPGNSLDRGDPVDADDAAAQKHDQSYQEQLEAG DNPYLKYNHADREFQEALKDDTSFEGNLARGLFEAKKLVA EPLGLVEPELAPPSGRKRPVQSSQESGYSSSQDKRPNLDV DEEDREFAAAAAETETGSAPPTGNLGPGTMAGGGSAPIDD GSYGADGVGNASGDWHCDSTWLDNCVITRTTRTWNLPTYN NHIYKQISNSTSGGSSNDNAYFGFSTPWGYFDFNRFHCHF SPRDWQRLINNNWGLRPKSLRFKIFNIQVKEVTDNNGVKI ISNNLTSTVQVFADTEYQLPYVIGSAHEGCLPPFPADVFM LPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSKMLRTGNSFEF TYNFEKVPFHSMWAHNQSLDRLMNPLIDQYLYYLSKTING SGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQRVSTTV TQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNPGPAMASHKEGEDR FFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKTTNPVA TESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGVFPGSVWQDRDIY LQGQIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKNPPPQILIKNTP VPADPPTEFNANKISSFITQYSTGQVTVEMEWELQKETSK RWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYKEFRSIGTRYLT RPL
AAVmo_8VR 서열 번호: 103	**AAVmo**	**AAV8**	**VR**	MSFFDWLGKQYAQGAAEFWDLKSGPPAPKKARKDGSAGFN FPGHKYLGPGNSLDRGDPVDADDAAAQKHDQSYQEQLEAG DNPYLKYNHADREFQEALKDDTSFEGNLARGLFEAKKLVA EPLGLVEPELAPPSGRKRPVQSSQESGYSSSQDKRPNLDV DEEDREFAAAAAETETGSAPPTGNLGPGTMAGGGSAPIDD GSYGADGVGNASGDWHCDSTWLDNCVITRTTRTWNLPTYN NHIYKQISNGTSGGATNDNTYFGFSTPWGYFDFNRFHCHF SPRDWQRLINNNWGLRPKSLRFKIFNIQVKEVTQNEGTKI ISNNLTSTVQVFADTEYQLPYVIGSAHEGCLPPFPADVFM LPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSKMLRTGNSFEF TYNFEKVPFHSMWAHNQSLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQTT GGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPGIRQQRVSTT TGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGRASKIAPGPAMATHKDDEE RFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDVNITRETEINSTNPL AGGSLGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQGVFPGSVWQDRDI YLQGQIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKNPPPQILIKNT PVPADPPTEFNANKISSFITQYSTGQVTVEMEWELQKETS KRWNPEIQYTSNYYKSTSVDFAVNTEGVYKEFRSIGTRYL TRPL
AAVmo_8GH 서열 번호: 104	**AAVmo**	**AAV8**	**GH**	MSFFDWLGKQYAQGAAEFWDLKSGPPAPKKARKDGSAGFN FPGHKYLGPGNSLDRGDPVDADDAAAQKHDQSYQEQLEAG DNPYLKYNHADREFQEALKDDTSFEGNLARGLFEAKKLVA EPLGLVEPELAPPSGRKRPVQSSQESGYSSSQDKRPNLDV DEEDREFAAAAAETETGSAPPTGNLGPGTMAGGGSAPIDD GSYGADGVGNASGDWHCDSTWLDNCVITRTTRTWNLPTYN NHIYKRLNGTTSGDQSYFGFSTPWGYFDFNRFHCHFSPRD WQRLINNNWGLRPKSLRFKIFNIQVKEVTTQDSTKIISNN LTSTVQVFADTEYQLPYVIGSAHEGCLPPFPADVFMLPQY GYCTRQDGNSNNPTPRSAFYCLEYFPSKMLRTGNSFEFTY NFEKVPFHSMWAHNQSLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQTTGG TANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPCYRQQRVSTTTG QNNNSNFAWTAGTKYHLNGRNSLANPGIAMATHKDDEERF FPSNGILIFGKQNAARDNADYSDVMLTSEEEIKTTNPVAT EEYGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQGVFPGSVWQDRDIYL QGQIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKNPPPQILIKNTPV PADPPTEFNANKISSFITQYSTGQVTVEMEWELQKETSKR WNPEIQYSDDSSSTSGSILHFAPDDVGNYKEFRSIGTRYL TRPL
AAVmo_8VRGH	**AAVmo**	**AAV8**	**VRGH**	MSFFDWLGKQYAQGAAEFWDLKSGPPAPKKARKDGSAGFN

[0346]

[0347]

서열 번호: 105				FPGHKYLGPGNSLDRGDPVDADDAAAQKHDQSYQEQLEAG DNPYLKYNHADREFQEALKDDTSFEGNLARGLFEAKKLVA EPLGLVEPELAPPSGRKRPVQSSQESGYSSSQDKRPNLDV DEEDREFAAAAAETETGSAPPTGNLGPGTMAGGGSAPIDD GSYGADGVGNASGDWHCDSTWLDNCVITRTTRTWNLPTYN NHIYKQISNGTSGGATNDNTYFGFSTPWGYFDFNRFHCHF SPRDWQRLINNNWGLRPKSLRFKIFNIQVKEVTQNEGTKI ISNNLTSTVQVFADTEYQLPYVIGSAHEGCLPPFPADVFM LPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSKMLRTGNSFEF TYNFEKVPFHSMWAHNQSLDRLMNPLIDQYLYYLSRTQTT GGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPCYRQQRVSTT TGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGRNSLANPGIAMATHKDDEE RFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDVMLTSEEEIKTTNPV ATEEYGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQGVFPGSVWQDRDI YLQGQIWAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKNPPPQILIKNT PVPADPPTEFNANKISSFITQYSTGQVTVEMEWELQKETS KRWNPEIQYTSNYYKSTSVDFAVNTEGVYKEFRSIGTRYL TRPL
AAV4_2VR 서열 번호: 106	**AAV4**	**AAV2**	**VR**	MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQ QLKAGDNPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQA KKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGK KGKQPAKKKLVFEDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAA AGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRT WVLPTYNNHLYKQISSQSGASNDNHYFGFSTPWGYFDFNR FHCHFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVTQN DGTTTVANNLTSTVQIFADSSYELPYVMDAGQEGSLPPFP NDVFMVPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTG NNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYYLS RTNTPSGTTTQSRLQFSQAGASDIRDQSRNWLPGPSIRQQ RVSKTSADNNNSEYSWTGATKYHLNGRWSALTPGPPMATH KDDEEKFFPQSGVLIFGKQGSEKTNVDIEKLIFTSEEELA ATNATDTDMWGSVSTNLQRGNRQAATADVNTQGAVPGMVW QNRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPPQI FIKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDWEI QKERSKRWNPEVQFTSNYNKSVNVDFTVDTNGVYTEPRAI GTRYLTHHL
AAV4_2GH 서열 번호: 107	**AAV4**	**AAV2**	**GH**	MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQ QLKAGDNPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQA KKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGK KGKQPAKKKLVFEDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAA AGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRT WVLPTYNNHLYKRLGESLQSNTYNGFSTPWGYFDFNRFHC HFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVTTSNGE TTVANNLTSTVQIFADSSYELPYVMDAGQEGSLPPFPNDV FMVPQYGYCGLVTGNTSQQQTDRNAFYCLEYFPSQMLRTG NNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYYLS RTNTPSGTTTQSRLQFSQAGASDIRDQSRNWLPGPCYRQQ RVSKTSADNNNSEYSWTGATKYHLNGRDSLVNPGPAMASH KDDEEKFFPQSGVLIFGKQGSEKTNVDIEKVMITDEEEIR TTNPVATEQYGSVSTNLQRGNRQAATADVNTQGAVPGMVW QNRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPPQI FIKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDWEI QKERSKRWNPEVQFTSNYGQQNSLLWAPDAAGKYTEPRAI GTRYLTHHL
AAV4_2VRGH 서열 번호: 108	**AAV4**	**AAV2**	**VRGH**	MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQ QLKAGDNPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQA KKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGK KGKQPAKKKLVFEDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAA AGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRT WVLPTYNNHLYKQISSQSGASNDNHYFGFSTPWGYFDFNR

[0348]

				FHCHFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVTQN DGTTTVANNLTSTVQIFADSSYELPYVMDAGQEGSLPPFP NDVFMVPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLRTG NNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYYLS RTNTPSGTTTQSRLQFSQAGASDIRDQSRNWLPGPCYRQQ RVSKTSADNNNSEYSWTGATKYHLNGRDSLVNPGPAMASH KDDEEKFFPQSGVLIFGKQGSEKTNVDIEKVMITDEEEIR TTNPVATEQYGSVSTNLQRGNRQAATADVNTQGAVPGMVW QNRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPPQI FIKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDWEI QKERSKRWNPEVQFTSNYNKSVNVDFTVDTNGVYTEPRAI GTRYLTHHL
AAV4_8VR 서열 번호: 109	**AAV4**	**AAV8**	**VR**	MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQ QLKAGDNPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQA KKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGK KGKQPAKKKLVFEDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAA AGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRT WVLPTYNNHLYKQISNGTSGGATNDNTYFGFSTPWGYFDF NRFHCHFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVT QNEGTKTVANNLTSTVQIFADSSYELPYVMDAGQEGSLPP FPNDVFMVPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLR TGNNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYY LSRTQTTGGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPSIR QQRVSTTTGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGRWSALTPGPPMA THKDDEERFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDLIFTSEEE LAATNATDTDMWGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQGAVPGM VWQNRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPP QIFIKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDW EIQKERSKRWNPEVQFTSNYYKSTSVDFAVNTEGVYTEPR AIGTRYLTHHL
AAV4_8GH 서열 번호: 110	**AAV4**	**AAV8**	**GH**	MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQ QLKAGDNPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQA KKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGK KGKQPAKKKLVFEDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAA AGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRT WVLPTYNNHLYKRLGESLQSNTYNGFSTPWGYFDFNRFHC HFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVTTSNGE TTVANNLTSTVQIFADSSYELPYVMDAGQEGSLPPFPNDV FMVPQYGYCGLVTGNTSQQQTDRNAFYCLEYFPSQMLRTG NNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYYLS RTQTTGGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPCYRQQ RVSTTTGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGRNSLANPGIAMATH KDDEERFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDVMLTSEEEIK TTNPVATEEYGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQGAVPGMVW QNRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPPQI FIKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDWEI QKERSKRWNPEVQFTSNYGQQNSLLWAPDAAGKYTEPRAI GTRYLTHHL
AAV4_8VRGH 서열 번호: 111	**AAV4**	**AAV8**	**VRGH**	MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQ QLKAGDNPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQA KKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGK KGKQPAKKKLVFEDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAA AGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRT WVLPTYNNHLYKQISNGTSGGATNDNTYFGFSTPWGYFDF NRFHCHFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVT QNEGTKTVANNLTSTVQIFADSSYELPYVMDAGQEGSLPP FPNDVFMVPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLR TGNNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYY LSRTQTTGGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPCYR QQRVSTTTGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGRNSLANPGIAMA

				THKDDEERFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDVMLTSEEE IKTTNPVATEEYGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQGAVPGM VWQNRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPP QIFIKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDW EIQKERSKRWNPEVQFTSNYYKSTSVDFAVNTEGVYTEPR AIGTRYLTHHL
AAV4_9VR 서열 번호: 112	**AAV4**	**AAV9**	**VR**	MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQ QLKAGDNPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQA KKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGK KGKQPAKKKLVFEDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAA AGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRT WVLPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNAYFGFSTPWGYFDF NRFHCHFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVT DNNGVKTVANNLTSTVQIFADSSYELPYVMDAGQEGSLPP FPNDVFMVPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLR TGNNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYY LSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNWLPGPSIRQ QRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRWSALTPGPPMAT HKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKLIFTSEEEL AATNATDTDMWGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGAVPGMV WQNRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPPQ IFIKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDWE IQKERSKRWNPEVQFTSNYYKSTSVDFAVNTEGVYTEPRA IGTRYLTHHL
AAV4_9GH 서열 번호: 113	**AAV4**	**AAV9**	**GH**	MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQ QLKAGDNPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQA KKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGK KGKQPAKKKLVFEDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAA AGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRT WVLPTYNNHLYKRLGESLQSNTYNGFSTPWGYFDFNRFHC HFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVTTSNGE TTVANNLTSTVQIFADSSYELPYVMDAGQEGSLPPFPNDV FMVPQYGYCGLVTGNTSQQQTDRNAFYCLEYFPSQMLRTG NNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYYLS KTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQQR VSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNPGPAMASHK EGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEIKT TNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGAVPGMVWQ NRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPPQIF IKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDWEIQ KERSKRWNPEVQFTSNYGQQNSLLWAPDAAGKYTEPRAIG TRYLTHHL
AAV4_9VRGH 서열 번호: 114	**AAV4**	**AAV9**	**VRGH**	MTDGYLPDWLEDNLSEGVREWWALQPGAPKPKANQQHQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYDQ QLKAGDNPYLKYNHADAEFQQRLQGDTSFGGNLGRAVFQA KKRVLEPLGLVEQAGETAPGKKRPLIESPQQPDSSTGIGK KGKQPAKKKLVFEDETGAGDGPPEGSTSGAMSDDSEMRAA AGGAAVEGGQGADGVGNASGDWHCDSTWSEGHVTTTSTRT WVLPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNAYFGFSTPWGYFDF NRFHCHFSPRDWQRLINNNWGMRPKAMRVKIFNIQVKEVT DNNGVKTVANNLTSTVQIFADSSYELPYVMDAGQEGSLPP FPNDVFMVPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLR TGNNFEITYSFEKVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLIDQYLYY LSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQ QRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNPGPAMAS HKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEI KTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGAVPGMV WQNRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKHPPPQ IFIKNTPVPANPATTFSSTPVNSFITQYSTGQVSVQIDWE IQKERSKRWNPEVQFTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYTEPRA IGTRYLTHHL

[0349]

[0350]

AAVbo_9VR 서열 번호: 115	**AAVbo**	**AAV9**	**VR**	MSFVDHPPDWLESIGDGFREFLGLEAGPPKPKANQQKQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGDPVNFADEVAREHDLSYQK QLEAGDNPYLKYNHADAEFQEKLASDTSFGGNLGKAVFQA KKRILEPLGLVETPDKTAPAAKKRPLEQSPQEPDSSSGVG KKGKQPARKRLNFDDEPGAGDGPPPEGPSSGAMSTETEMR AAAGGNGGDAGQGAEGVGNASGDWHCDSTWSESHVTTTST RTWVLPTYNNHLYLQISNSTSGGSSNDNAYFGFSTPWGYF DFNRFHCHFSPRDWQRLINNHWGLRPKSMQVRIFNIQVKE VTDNNGVKSNNLTSTVQIFADSTYELPYVMDAGQEGSLPP FPNDVFMVPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLR TGNNFEMVYKFENVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLLDQYLYY LSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNWLPGPMMRQ QRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRWSNFAPGTAMAT HKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKLMFTSEDEL RATNPRDTDLFGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGVYPGMV WQDRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKSPPPQ IFIKNTPVPANPATTFSPARINSFITQYSTGQVAVKIEWE IQKERSKRWNPEVQFTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYKEPRA IGSRYLTNHL
AAVbo_9GH 서열 번호: 116	**AAVbo**	**AAV9**	**GH**	MSFVDHPPDWLESIGDGFREFLGLEAGPPKPKANQQKQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGDPVNFADEVAREHDLSYQK QLEAGDNPYLKYNHADAEFQEKLASDTSFGGNLGKAVFQA KKRILEPLGLVETPDKTAPAAKKRPLEQSPQEPDSSSGVG KKGKQPARKRLNFDDEPGAGDGPPPEGPSSGAMSTETEMR AAAGGNGGDAGQGAEGVGNASGDWHCDSTWSESHVTTTST RTWVLPTYNNHLYLRLGSSNASDTFNGFSTPWGYFDFNRF HCHFSPRDWQRLINNHWGLRPKSMQVRIFNIQVKEVTTSN GETTVSNNLTSTVQIFADSTYELPYVMDAGQEGSLPPFPN DVFMVPQYGYCGLVTGGSSQNQTDRNAFYCLEYFPSQMLR TGNNFEMVYKFENVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLLDQYLYY LSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQ QRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNPGPAMAS HKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEI KTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGVYPGMV WQDRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKSPPPQ IFIKNTPVPANPATTFSPARINSFITQYSTGQVAVKIEWE IQKERSKRWNPEVQFTSNYGAQDSLLWAPDNAGAYKEPRA IGSRYLTNHL
AAVbo_9VRGH 서열 번호: 117	**AAVbo**	**AAV9**	**VRGH**	MSFVDHPPDWLESIGDGFREFLGLEAGPPKPKANQQKQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGDPVNFADEVAREHDLSYQK QLEAGDNPYLKYNHADAEFQEKLASDTSFGGNLGKAVFQA KKRILEPLGLVETPDKTAPAAKKRPLEQSPQEPDSSSGVG KKGKQPARKRLNFDDEPGAGDGPPPEGPSSGAMSTETEMR AAAGGNGGDAGQGAEGVGNASGDWHCDSTWSESHVTTTST RTWVLPTYNNHLYLQISNSTSGGSSNDNAYFGFSTPWGYF DFNRFHCHFSPRDWQRLINNHWGLRPKSMQVRIFNIQVKE VTDNNGVKSNNLTSTVQIFADSTYELPYVMDAGQEGSLPP FPNDVFMVPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLR TGNNFEMVYKFENVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLLDQYLYY LSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIPGPSYRQ QRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNPGPAMAS HKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMITNEEEI KTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQGVYPGMV WQDRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKSPPPQ IFIKNTPVPANPATTFSPARINSFITQYSTGQVAVKIEWE IQKERSKRWNPEVQFTSNYYKSNNVEFAVNTEGVYKEPRA IGSRYLTNHL
AAVbo_8VR 서열 번호: 118	**AAVbo**	**AAV8**	**VR**	MSFVDHPPDWLESIGDGFREFLGLEAGPPKPKANQQKQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGDPVNFADEVAREHDLSYQK QLEAGDNPYLKYNHADAEFQEKLASDTSFGGNLGKAVFQA KKRILEPLGLVETPDKTAPAAKKRPLEQSPQEPDSSSGVG KKGKQPARKRLNFDDEPGAGDGPPPEGPSSGAMSTETEMR AAAGGNGGDAGQGAEGVGNASGDWHCDSTWSESHVTTTST

[0351]

				RTWVLPTYNNHLYLQISNGTSGGATNDNTYFGFSTPWGYF DFNRFHCHFSPRDWQRLINNHWGLRPKSMQVRIFNIQVKE VTQNEGTKSNNLTSTVQIFADSTYELPYVMDAGQEGSLPP FPNDVFMVPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLR TGNNFEMVYKFENVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLLDQYLYY LSRTQTTGGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPMMR QQRVSTTTGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGRWSNFAPGTAMA THKDDEERFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDLMFTSEDE LRATNPRDTDLFGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQGVYPGM VWQDRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKSPPP QIFIKNTPVPANPATTFSPARINSFITQYSTGQVAVKIEW EIQKERSKRWNPEVQFTSNYYKSTSVDFAVNTEGVYKEPR AIGSRYLTNHL
AAVbo_8GH 서열 번호: 119	**AAVbo**	**AAV8**	**GH**	MSFVDHPPDWLESIGDGFREFLGLEAGPPKPKANQQKQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGDPVNFADEVAREHDLSYQK QLEAGDNPYLKYNHADAEFQEKLASDTSFGGNLGKAVFQA KKRILEPLGLVETPDKTAPAAKKRPLEQSPQEPDSSSGVG KKGKQPARKRLNFDDEPGAGDGPPPEGPSSGAMSTETEMR AAAGGNGGDAGQGAEGVGNASGDWHCDSTWSESHVTTTST RTWVLPTYNNHLYLRLGSSNASDTFNGFSTPWGYFDFNRF HCHFSPRDWQRLINNHWGLRPKSMQVRIFNIQVKEVTTSN GETTVSNNLTSTVQIFADSTYELPYVMDAGQEGSLPPFPN DVFMVPQYGYCGLVTGGSSQNQTDRNAFYCLEYFPSQMLR TGNNFEMVYKFENVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLLDQYLYY LSRTQTTGGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPCYR QQRVSTTTGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGRNSLANPGIAMA THKDDEERFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDVMLTSEEE IKTTNPVATEEYGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQGVYPGM VWQDRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKSPPP QIFIKNTPVPANPATTFSPARINSFITQYSTGQVAVKIEW EIQKERSKRWNPEVQFTSNYGAQDSLLWAPDNAGAYKEPR AIGSRYLTNHL
AAVbo_8VRGH 서열 번호: 120	**AAVbo**	**AAV8**	**VRGH**	MSFVDHPPDWLESIGDGFREFLGLEAGPPKPKANQQKQDN ARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGDPVNFADEVAREHDLSYQK QLEAGDNPYLKYNHADAEFQEKLASDTSFGGNLGKAVFQA KKRILEPLGLVETPDKTAPAAKKRPLEQSPQEPDSSSGVG KKGKQPARKRLNFDDEPGAGDGPPPEGPSSGAMSTETEMR AAAGGNGGDAGQGAEGVGNASGDWHCDSTWSESHVTTTST RTWVLPTYNNHLYLQISNGTSGGATNDNTYFGFSTPWGYF DFNRFHCHFSPRDWQRLINNHWGLRPKSMQVRIFNIQVKE VTQNEGTKSNNLTSTVQIFADSTYELPYVMDAGQEGSLPP FPNDVFMVPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYFPSQMLR TGNNFEMVYKFENVPFHSMYAHSQSLDRLMNPLLDQYLYY LSRTQTTGGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWLPGPCYR QQRVSTTTGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGRNSLANPGIAMA THKDDEERFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDVMLTSEEE IKTTNPVATEEYGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQGVYPGM VWQDRDIYYQGPIWAKIPHTDGHFHPSPLIGGFGLKSPPP QIFIKNTPVPANPATTFSPARINSFITQYSTGQVAVKIEW EIQKERSKRWNPEVQFTSNYYKSTSVDFAVNTEGVYKEPR AIGSRYLTNHL
AAV8_9VRGBS 서열 번호: 121	**AAV8**	**AAV9**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSRTINGSGQNQQTLGFSVAGPSNMAVQGRNWL

[0352]

				PGPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGGTKYHLNGRNSLAN PGIAMATHKEGEDRFFPLSGILIFGKQGTGRDNVDADKVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVATNHQSAQAQAQTGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_9VRGH 서열 번호: 122	**AAV8**	**AAV9**	**VRGH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSKTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYI PGPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMN PGPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVM ITNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQ GILPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAVanc.110_9VR.PHP 서열 번호: 123	**AAVanc.110**	**AAV9**	**VR.PHP**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTINGSGQNQQTLQFSQAGPSSMANQARNWVP GPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGATKYHLNGRDSLMNP GVAMASHKEGEDRFFPLSGVLIFGKQGTGRDNVDADKVMI TNEEEIKTTNPVATEEYGAVATNHQSAQTLAVPFKAQAQT GLVHNQGVLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSP LMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQ YSTGQVSVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEF AVNTEGVYSEPRPIGTRFLTRNL
AAVanc.110_9VR 서열 번호: 124	**AAVanc.110**	**AAV9**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTINGSGQNQQTLQFSQAGPSSMANQARNWVP GPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGATKYHLNGRDSLMNP GVAMASHKEGEDRFFPLSGVLIFGKQGTGRDNVDADKVMI TNEEEIKTTNPVATEEYGAVATNHQSAQAQAQTGLVHNQG VLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGL KHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQVS VEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGV

[0353]

				YSEPRPIGTRFLTRNL
AAVanc.110_9GH.PHP 서열 번호: 125	**AAVanc.110**	**AAV9**	**GH.PHP**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIP GPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNP GPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMI TNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQTLAVPFKAQAQT GWVQNQGVLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSP LMGGFGLKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQ YSTGQVSVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDF AVNTEGVYSEPRPIGTRFLTRNL
AAVanc.110_9GH 서열 번호: 126	**AAVanc.110**	**AAV9**	**GH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTINGSGQNQQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIP GPSYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGASSWALNGRNSLMNP GPAMASHKEGEDRFFPLSGSLIFGKQGTGRDNVDADKVMI TNEEEIKTTNPVATESYGQVATNHQSAQAQAQTGWVQNQG VLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGL KHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQVS VEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGV YSEPRPIGTRFLTRNL
AAVanc.110_9VRGBS 서열 번호: 127	**AAVanc.110**	**AAV9**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTINGSGQNQQTLQFSVAGPSNMAVQARNWVP GPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGATKYHLNGRDSLMNP GVAMASHKEGEDRFFPLSGVLIFGKQGTGRDNVDADKVMI TNEEEIKTTNPVATEEYGAVATNHQSAQAQAQTGLVHNQG VLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGL KHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQVS VEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGV YSEPRPIGTRFLTRNL
AAVanc.110_8GH 서열 번호: 128	**AAVanc.110**	**AAV8**	**GH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS

[0354]

				NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTQTTGGTANTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWL PGPCYRQQRVSTTTGQNNNSNFAWTAGTKYHLNGRNSLAN PGIAMATHKDDEERFFPSNGILIFGKQNAARDNADYSDVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVADNLQQQNTAPQIGTVNSQ GVLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRFLTRNL
AAV9_anc.110VR 서열 번호: 129	**AAV9**	**AAVanc.110**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQD NARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLKYNHADAEFQERLKEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRLLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIG KSGAQPAKKRLNFGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGS LTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNAYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTTNEGTKTIANNLTSTVQVFTDSDYQLPYVLGSAH EGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYEFENVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTQTTGTAGTQTLKFSVAGPSNMAVQGRNYIP GPSYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGASSWALNGRNSLMNP GPAMASHKDDEDRFFPSSGSLIFGKQGAGNDNVDYSQVMI TNEEEIKTTNPVATESYGQVATNNQSANTQAQTGWVQNQG ILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGM KHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQVS VEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEGV YSEPRPIGTRFLTRNL
AAV9_anc.110GH 서열 번호: 130	**AAV9**	**AAVanc.110**	**GH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQD NARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLKYNHADAEFQERLKEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRLLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIG KSGAQPAKKRLNFGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGS LTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNAYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQVFTDSDYQLPYVLGSAH EGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYEFENVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTQTTGTAGTQTLQFSQAGPSSMANQARNWVP GPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGATKYHLNGRDSLMNP GVAMASHKDDEDRFFPSSGVLIFGKQGAGNDNVDYSQVMI TNEEEIKTTNPVATEEYGAVATNNQSANTQAQTGLVHNQG ILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGM KHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQVS VEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGV YSEPRPIGTRFLTRNL
AAV8_anc.110VR 서열 번호: 131	**AAV8**	**AAVanc.110**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTTNEGTKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL

				IDQYLYFLSRTQTTGTAGTQTLGFSQGGPNTMANQAKNWL PGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGGTKYHLNGRNSLAN PGIAMATHKDDEDRFFPSSGILIFGKQGAGNDNVDYSQVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVATNNQSANTQAQTGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRFLTRNL
AAV8_anc.110GH 서열 번호: 132	**AAV8**	**AAVanc.110**	**GH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGATNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYFLSRTQTTGTAGTQTLQFSQAGPSSMANQARNWV PGPCYRQQRVSTTTNQNNNSNFAWTGATKYHLNGRDSLMN PGVAMASHKDDEDRFFPSSGVLIFGKQGAGNDNVDYSQVM ITNEEEIKTTNPVATEEYGAVATNNQSANTQAQTGLVHNQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTSVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRFLTRNL
Anc.110_8VR 서열 번호: 133	**AAVanc.110**	**AAV8**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGATNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTQNEGTKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTQTTGGTANTQTLQFSQAGPSSMANQARNWV PGPCYRQQRVSTTTGQNNNSNFAWTAATKYHLNGRDSLMN PGVAMASHKDDEERFFPSNGVLIFGKQNAARDNADYSDVM ITNEEEIKTTNPVATEEYGAVADNLQQQNTAPQIGLVHNQ GVLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTSVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRFLTRNL
AAV8_6VR 서열 번호: 134	**AAV8**	**AAV6**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISSASTGASNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNI QVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLSRTQNQSGSAQNKDLGFSQGGPNTMANQAKNWL PGPCYRQQRVSKTKTDNNNSNFTWTGATKYHLNGRNSLAN PGIAMASHKDDKDKFFPMSGILIFGKESAGASNTALDNVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVAVNLQSSSTDPATGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV

[0355]

				SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSANVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_6VRGBS 서열 번호: 135	**AAV8**	**AAV6**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISSASTGASNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNI QVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLSRTQNQSGSAQNKDLGFSRGSPAGMSVQAKNWL PGPCYRQQRVSKTKTDNNNSNFTWTGATKYHLNGRNSLAN PGIAMASHKDDKDKFFPMSGILIFGKESAGASNTALDNVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVAVNLQSSSTDPATGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSANVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_6VRGH 서열 번호: 136	**AAV8**	**AAV6**	**VRGH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISSASTGASNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNI QVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLNRTQNQSGSAQNKDLLFSRGSPAGMSVQPKNWL PGPCYRQQRVSKTKTDNNNSNFTWTGASKYNLNGRESIIN PGTAMASHKDDKDKFFPMSGVMIFGKESAGASNTALDNVM ITDEEEIKATNPVATERFGTVAVNLQSSSTDPATGDVHVM GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSANVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_9VRGBS.SA 서열 번호: 137	**AAV8**	**AAV9**	**VRGBS.SA**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSRTINGSGQNQQTLGFSVAGPANMAVQGRNWL PGPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGGTKYHLNGRNSLAN PGIAMATHKEGEDRFFPLSGILIFGKQGTGRDNVDADKVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVATNHQSAQAQAQTGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_9VRGBS.ST 서열 번호: 138	**AAV8**	**AAV9**	**VRGBS.ST**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG

[0356]

				PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSRTINGSGQNQQTLGFSVAGPTNMAVQGRNWL PGPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGGTKYHLNGRNSLAN PGIAMATHKEGEDRFFPLSGILIFGKQGTGRDNVDADKVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVATNHQSAQAQAQTGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_9VRGBS.MA 서열 번호: 139	**AAV8**	**AAV9**	**VRGBS.MA**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSRTINGSGQNQQTLGFSVAGPSNAAVQGRNWL PGPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGGTKYHLNGRNSLAN PGIAMATHKEGEDRFFPLSGILIFGKQGTGRDNVDADKVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVATNHQSAQAQAQTGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_9VRGBS.MI 서열 번호: 140	**AAV8**	**AAV9**	**VRGBS.MI**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSRTINGSGQNQQTLGFSVAGPSNIAVQGRNWL PGPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGGTKYHLNGRNSLAN PGIAMATHKEGEDRFFPLSGILIFGKQGTGRDNVDADKVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVATNHQSAQAQAQTGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_9VRGBS.MK 서열 번호: 141	**AAV8**	**AAV9**	**VRGBS.MK**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSRTINGSGQNQQTLGFSVAGPSNKAVQGRNWL PGPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGGTKYHLNGRNSLAN PGIAMATHKEGEDRFFPLSGILIFGKQGTGRDNVDADKVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVATNHQSAQAQAQTGTVNSQ

[0357]

				GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_9VRGBS.PA 서열 번호: 142	**AAV8**	**AAV9**	**VRGBS. PA**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFN IQVKEVTDNNGVKTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSRTINGSGQNQQTLGFSVAGASNMAVQGRNWL PGPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGGTKYHLNGRNSLAN PGIAMATHKEGEDRFFPLSGILIFGKQGTGRDNVDADKVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVATNHQSAQAQAQTGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAVanc110_9VRHS 서열 번호: 143	**AAVanc.110**	**AAV9**	**VRHS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNSTSGGSSNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTDNNGVKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNDGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTINGSGQNQQTLQFSQAGPSSMANQARNWVP GPCYRQQRVSTTVTQNNNSEFAWPGATKYHLNGRDSLMNP GVAMASHKEGEDRFFPLSGVLIFGKQGTGRDNVDADKVMI TNEEEIKTTNPVATEEYGAVATNHQSGURQAQTGLVHNQG VLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGL KHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQVS VEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSNNVEFAVNTEGV YSEPRPIGTRFLTRNL
AAV8_5VR 서열 번호: 144	**AAV8**	**AAV5**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQIKSGSVDGSNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNI QVKEVTVQDSTTTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNRDNTENPTERSSFYCLE YFPSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNP LIDQYLYYLSRTNTGGVQFSQGGPNTMANQAKNWLPGPCY RQQGWNLGSGVNRASVSAFATGTKYHLNGRNSLANPGIAM ATNNLQGSNTYALENTLIFNSQPANPGTTATYLEGNMLTS EEEIKTTNPVATEEYGIVATNNQSSTTAPATGTVNSQGAL PGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKH PPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQVSVE IEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYNDPQFVDFAVNTEGVYS EPRPIGTRYLTRNL
Anc110_5VR 서열 번호: 145	**Anc110**	**AAV5**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG

[0358]

				KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQIKSGSVDGSNDNTYFGYSTPW GYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNIQ VKEVTVQDSTTTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAHQ GCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNRDNTENPTERSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYFLSRTNTGGVQFSQAGPSSMANQARNWVPGPCYR QQGWNLGSGVNRASVSAFATATKYHLNGRDSLMNPGVAMA SNNLQGSNTYALENTLIFNSQPANPGTTATYLEGNMITNE EEIKTTNPVATEEYGAVATNNQSSTTAPATGLVHNQGVLP GMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFGLKHP PPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQVSVEI EWELQKENSKRWNPEIQYTSNYNDPQFVDFAVNTEGVYSE PRPIGTRFLTRNL
AAV8_6VR 서열 번호: 146	**AAV8**	**AAV6**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISSASTGASNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNI QVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLSRTQNQSGSAQNKDLGFSQGGPNTMANQAKNWL PGPCYRQQRVSKTKTDNNNSNFTWTGATKYHLNGRNSLAN PGIAMASHKDDKDKFFPMSGILIFGKESAGASNTALDNVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVAVNLQSSSTDPATGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSANVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_6VRGBS 서열 번호: 147	**AAV8**	**AAV6**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISSASTGASNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNI QVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLSRTQNQSGSAQNKDLGFSRGSPAGMSVQAKNWL PGPCYRQQRVSKTKTDNNNSNFTWTGATKYHLNGRNSLAN PGIAMASHKDDKDKFFPMSGILIFGKESAGASNTALDNVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVAVNLQSSSTDPATGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSANVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_6VRGH 서열 번호: 148	**AAV8**	**AAV6**	**VRGH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISSASTGASNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNI QVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF

[0359]

				PSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLNRTQNQSGSAQNKDLLFSRGSPAGMSVQPKNWL PGPCYRQQRVSKTKTDNNNSNFTWTGASKYNLNGRESIIN PGTAMASHKDDKDKFFPMSGVMIFGKESAGASNTALDNVM ITDEEEIKATNPVATERFGTVAVNLQSSSTDPATGDVHVM GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYAKSANVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_7VRGBS 서열 번호: 149	**AAV8**	**AAV7**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISSETAGSTNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNI QVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLSRTQSNPGGTAGNRELGFSQGGPSTMAEQAKNW LPGPCYRQQRVSKTLDQNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLA NPGIAMATHKDDEDRFFPSSGILIFGKTGATNKTTLENVM LTSEEEIKTTNPVATEEYGIVSSNLQAANTAAQTGTVNSQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNFEKQTGVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV8_7VRGH 서열 번호: 150	**AAV8**	**AAV7**	**VRGH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLQAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVG PNTMAAGGGAPMADNNEGADGVGSSSGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISSETAGSTNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLSFKLFNI QVKEVTTNDGVTTIANNLTSTIQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFTYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLARTQSNPGGTAGNRELQFYQGGPSTMAEQAKNW LPGPCFRQQRVSKTLDQNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLV NPGVAMATHKDDEDRFFPSSGVLIFGKTGATNKTTLENVL MTNEEEIRPTNPVATEEYGIVSSNLQAANTAAQTQVVNNQ GALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQSKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNFEKQTGVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
Anc110_8VR 서열 번호: 151	**Anc110**	**AAV8**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGATNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTQNEGTKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTQTTGGTANTQTLQFSQAGPSSMANQARNWV PGPCYRQQRVSTTTGQNNNSNFAWTAATKYHLNGRDSLMN PGVAMASHKDDEERFFPSNGVLIFGKQNAARDNADYSDVM ITNEEEIKTTNPVATEEYGAVADNLQQQNTAPQIGLVHNQ GVLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG

[0360]

				LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTSVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRFLTRNL
Anc110_8VRGBS 서열 번호: 152	**Anc110**	**AAV8**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD DGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSSGIG KTGQQPAKKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSGVGS NTMASGGGAPMADNNEGADGVGNSSGNWHCDSTWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGATNDNTYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTQNEGTKTIANNLTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAH QGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYFLSRTQTTGGTANTQTLQFSQGGPNTMANQARNWV PGPCYRQQRVSTTTGQNNNSNFAWTAATKYHLNGRDSLMN PGVAMASHKDDEERFFPSNGVLIFGKQNAARDNADYSDVM ITNEEEIKTTNPVATEEYGAVADNLQQQNTAPQIGLVHNQ GVLPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG LKHPPPQILIKNTPVPADPPTTFNQAKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTSVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRFLTRNL
AAV7_rh10VR 서열 번호: 153	**AAV7**	**rh10**	**VR**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD NGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPAKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSVG SGTVAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLRFKLFN IQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQVFSDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFEFSYSFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLARTQSTGGTAGTQQLQFYQGGPSTMAEQAKNW LPGPCFRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLV NPGVAMATHKDDEERFFPSSGVLIFGKQGAGKDNVDYSSV LMTNEEEIRPTNPVATEEYGIVADNLQQQNAAPIVQVVNN QGALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGF GLKHPPPQILIKNTPVPANPPEVFTPAKFASFITQYSTGQ VSVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVDSQ GVYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV7_rh10VRGBS 서열 번호: 154	**AAV7**	**rh10**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD NGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPAKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSVG SGTVAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLRFKLFN IQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQVFSDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFEFSYSFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLARTQSTGGTAGTQQLQFYQAGPNNMSAQAKNW LPGPCFRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGATKYHLNGRNSLV NPGVAMATHKDDEERFFPSSGVLIFGKQGAGKDNVDYSSV LMTNEEEIRPTNPVATEEYGIVADNLQQQNAAPIVQVVNN QGALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGF GLKHPPPQILIKNTPVPANPPEVFTPAKFASFITQYSTGQ

[0361]

				VSVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVDSQ GVYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV7_rh10VRGH 서열 번호: 155	**AAV7**	**rh10**	**VRGH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWDLKPGAPKPKANQQKQD NGRGLVLPGYKYLGPFNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLRYNHADAEFQERLQEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRVLEPLGLVEEGAKTAPAKKRPVEPSPQRSPDSSTGI GKKGQQPARKRLNFGQTGDSESVPDPQPLGEPPAAPSSVG SGTVAAGGGAPMADNNEGADGVGNASGNWHCDSTWLGDRV ITTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNTYFGYST PWGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKKLRFKLFN IQVKEVTQNEGTKTIANNLTSTIQVFSDSEYQLPYVLGSA HQGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQSVGRSSFYCLEY FPSQMLRTGNNFEFSYSFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL IDQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNW LPGPCYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGATKYHLNGRDSLV NPGVAMATHKDDEERFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSV MLTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNAAPIVGAVNS QGALPGMVWQNRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGF GLKHPPPQILIKNTPVPANPPEVFTPAKFASFITQYSTGQ VSVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVDSQ GVYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV9_rh10VRGBS 서열 번호: 156	**AAV9**	**rh10**	**VRGBS**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQD NARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLKYNHADAEFQERLKEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRLLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIG KSGAQPAKKRLNFGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGS LTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNAYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTQNEGTKTIANNLTSTVQVFTDSDYQLPYVLGSAH EGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYEFENVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLSKTISTGGTAGTQQLKFSVAGPSNMAVQGRNYI PGPSYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGASSWALNGRNSLMN PGPAMATHKDDEERFFPSSGSLIFGKQGAGKDNVDYSSVM ITNEEEIKTTNPVATESYGQVADNLQQQNAAPIVGWVQNQ GILPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG MKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL
AAV9_rh10VRGH 서열 번호: 157	**AAV9**	**rh10**	**VRGH**	MAADGYLPDWLEDNLSEGIREWWALKPGAPQPKANQQHQD NARGLVLPGYKYLGPGNGLDKGEPVNAADAAALEHDKAYD QQLKAGDNPYLKYNHADAEFQERLKEDTSFGGNLGRAVFQ AKKRLLEPLGLVEEAAKTAPGKKRPVEQSPQEPDSSAGIG KSGAQPAKKRLNFGQTGDTESVPDPQPIGEPPAAPSGVGS LTMASGGGAPVADNNEGADGVGSSSGNWHCDSQWLGDRVI TTSTRTWALPTYNNHLYKQISNGTSGGSTNDNAYFGYSTP WGYFDFNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGFRPKRLNFKLFNI QVKEVTQNEGTKTIANNLTSTVQVFTDSDYQLPYVLGSAH EGCLPPFPADVFMIPQYGYLTLNNGSQAVGRSSFYCLEYF PSQMLRTGNNFQFSYEFENVPFHSSYAHSQSLDRLMNPLI DQYLYYLSRTQSTGGTAGTQQLLFSQAGPNNMSAQAKNWL PGPCYRQQRVSTTLSQNNNSNFAWTGATKYHLNGRDSLVN PGVAMATHKDDEERFFPSSGVLMFGKQGAGKDNVDYSSVM LTSEEEIKTTNPVATEQYGVVADNLQQQNAAPIVGAVNSQ GALPGMVWQDRDVYLQGPIWAKIPHTDGNFHPSPLMGGFG MKHPPPQILIKNTPVPADPPTAFNKDKLNSFITQYSTGQV SVEIEWELQKENSKRWNPEIQYTSNYYKSTNVDFAVNTEG VYSEPRPIGTRYLTRNL

[0362]

[0363] <u>실시예 3</u>

[0364] **조작된 키메라 캡시드 단백질의 분석**

[0365] DNAseI 저항성 바이러스 역가 분석은 바이러스 패키징 효율 및 조작된 AAV 변이체의 생산을 특성화하기 위해 사용되었다. 5백만개 HEK293 세포를 10cm의 세포 배양 접시에 분주하고 37℃에서 밤새 배양하였다. AAV 플라스미드 형질감염을 ~ 20㎍ 총 DNA를 사용하는 종래의 인산칼슘 형질감염 프로토콜을 사용하여 수행하였다. 세포를 형질감염 72시간 후에 수거하고, 1,000xg에서 15분 동안 원심분리하였다. 용해 완충액을 세포 펠렛에 첨가하고, 샘플은 최종 해동물에서 DNAseI를 첨가하여 3회 동결-해동 주기를 수행한 다음 30분 동안 항온처리하였다. 원심분리 후 상청액에서 미정제 발현된 AAV 바이러스를 수집하여, 세포 파편을 10,000xg에서 30분 동안 제거하였다. EDTA를 첨가하여 DNaseI 활성을 중지시키고, 그리고 이후 발현된 AAV를 15분 동안 95℃로 항온처리하여, DNase를 추가로 불활성화하였다. 정량적 PCR을 제조업체 (Roche)에서 제공한 Fast Expression Taqman PCR 혼합 프로토콜에 따라 LightCycler Ⅱ를 사용하여 수행하였다. 바이러스 역가를 계산하고, vg/㎕ 양으로 비교하였다. 각 바이러스 역가를 3회 측정하였다. 이러한 DNaseI 저항성 역가 분석의 결과는 하기 표 4에 제공되며, 최고에서 최저 역가의 순서로 정렬된다.

[0366] 표 4

미정제 AAV	평균	표준편차	미정제 AAV	평균	표준편차
AAV9_rh10VRGBS	6.60E+08	5.32E+07	AAV4_2VRGH	2.17E+07	5.87E+06
AAV7_rh10VRGBS	5.58E+08	7.27E+07	AAVanc110_9GH	2.13E+07	1.16E+07
AAV7_rh10VR	4.72E+08	1.79E+07	AAVmo_8GH	2.13E+07	6.34E+06
AAV7_rh10VRGH	4.19E+08	3.49E+07	AAVbo_8VR	2.12E+07	2.84E+06
Anc110_8VRGBS	3.68E+08	3.60E+07	AAV4	2.04E+07	5.02E+06
AAV9_rh10VRGH	3.31E+08	4.11E+07	AAV8_9VRGBS	2.02E+07	6.82E+06
AAV8_5VR	2.47E+08	2.72E+07	AAV6.2_9GH	1.93E+07	4.25E+06
AAV8	2.10E+08	8.83E+07	AAVmo_2VRGH	1.69E+07	3.95E+06
AAV2	1.71E+08	1.01E+08	AAV6	1.67E+07	3.40E+06
AAV8_7VRGBS	1.58E+08	8.57E+06	AAV5	1.64E+07	2.35E+06
AAV7	1.50E+08	5.71E+07	AAV8_anc110GH	1.54E+07	2.82E+06
AAV8_6VRGH	1.20E+08	9.65E+06	AAV6.2_9VRGBS	1.50E+07	3.92E+06
AAV8_6VR	1.14E+08	1.21E+07	AAVbo_WT	1.38E+07	1.49E+07
AAV8_6VRGBS	1.12E+08	9.44E+06	AAV8_9VRGBS.MK	1.25E+07	6.73E+06
AAV8_7VRGH	1.03E+08	1.76E+07	AAV8_9VRGBS.PA	1.12E+07	3.51E+06
Anc110_5VR	9.13E+07	1.27E+07	AAV8_6VRGBS	9.42E+06	5.27E+05

[0367]

AAV9	7.63E+07	2.64E+07	AAVbo_9GH	9.35E+06	6.75E+06
AAV12	6.76E+07	3.18E+07	AAV7_9VRGBS	9.14E+06	2.24E+06
AAVanc110_9VRHS	6.64E+07	5.38E+07	AAVmo_2VR	8.83E+06	3.08E+06
AAVmo_9VRGH	6.18E+07	1.12E+07	AAV8_9RGBS.SA	8.65E+06	2.21E+06
AAVanc110_9VR.PHP	6.06E+07	1.37E+07	AAV8_9RGBS.ST	8.20E+06	5.97E+06
AAVmo_8VR	5.04E+07	1.09E+07	AAV8_6VR	7.76E+06	3.65E+06
AAVmo_9VR	4.11E+07	8.80E+06	AAV8_9VRGBS.MI	7.72E+06	1.59E+05
AAV8_9VRGBS.SmT	4.07E+07	2.11E+07	AAV8_9VRGBS.PHP	7.55E+06	2.52E+06
AAV4_9GH	3.97E+07	6.45E+06	AAVanc110	7.05E+06	2.26E+06
AAVmo_9GH	3.67E+07	6.29E+06	AAV8_9VRGBS.MA	5.36E+06	5.02E+05
AAVbo_8VRGH	3.49E+07	1.12E+07	AAVanc110_9VRGBS	5.36E+06	1.12E+06
AAVmo1_WT	3.34E+07	7.17E+06	AAVrh10_9GH	5.13E+06	7.73E+05
AAV4_2GH	3.21E+07	1.06E+07	AAVanc110_8VR	4.77E+06	1.60E+06
AAV4_8VR	3.16E+07	4.68E+06	AAVanc110_8GH	4.64E+06	1.32E+06
AAVanc110_9GH.PHP	3.12E+07	4.10E+06	AAVanc80L65	4.07E+06	3.85E+05
AAVmo_8VRGH	3.11E+07	1.10E+07	AAV8_9VRGH.PHP	3.66E+06	2.33E+06
AAVbo_9VR	2.97E+07	1.20E+07	AAVbo_8GH	2.80E+06	8.36E+05

[0368]

AAV4_8GH	2.90E+07	3.48E+06	AAV4_9VR	2.14E+06	N/A
AAVrh10	2.88E+07	5.51E+06	AAV9_anc110VR	1.65E+06	3.58E+05
AAVanc110_9VR	2.76E+07	4.72E+06	AAV8_9VRGH	1.48E+06	2.37E+05
AAV4_9VRGH	2.68E+07	3.75E+06	AAV8_anc110VR	1.21E+06	4.89E+05
AAV4_2VR	2.32E+07	6.96E+06	AAV9_anc110GH	1.19E+06	3.07E+05
AAV8_6VRGH	2.32E+07	4.88E+06	Bce36_9GH	8.44E+05	1.96E+05
AAV4_8VRGH	2.26E+07	2.97E+06	cap 대조군 없음	5.03E+05	3.81E+04
			AAVbo_9VRGH	1.13E+05	7.52E+03

[0369]

[0370] 표 4의 결과는, 가변하는 역가에도 불구하고, 본 발명의 조작된 키메라 AAV 캡시드를 포함하는 AAV 바이러스가 성공적으로 생산될 수 있음을 입증한다.

[0371] 다음으로, 본 발명의 조작된 키메라 캡시드 단백질을 포함하는 AAV 입자의 *시험관내* 배양된 세포에 대한 형질도입 능력을 계측하였다. HepG2 세포 및 HEK293 세포를 96웰 플레이트에 5×10^4 세포/웰로 분주하고, 밤새 항온처리하였다. 에토포시드를 감염 당일에 HEK293 및 HepG2 세포에 대해 각각 4 μM 및 20 μM의 최종 농도로 첨가하였다. 상이한 미정제 AAV 입자를 2000 MOI가 되도록 첨가하였고, 감염 후 72시간 동안 상대적 루시퍼라제 단위(RLU)로 형질도입 데이터를 측정하였다. 형질도입 데이터의 효율은 하기 표 5에 제공되며, 가장 높은 것에서 가장 낮은 형질도입 능력으로 정렬된다. 예상대로, 재조합 AAV2 (양성 대조군)는 두 세포주 모두에 대해 최고의 *시험관내* 형질도입을 나타내었으며, 시험된 대부분의 조작된 키메라 AAV는 *시험관내* 형질전환 성질이 양성 (RLU $>10^4$) 으로 나타났다. 이러한 결과는 본 발명의 키메라 조작된 캡시드 단백질을 포함하는 AAV 입자가 성공적으로 생산될 수 있을 뿐만 아니라, 이들 신규한 재조합 AAV 입자가 다양한 효율로 HEK293 또는 HepG2 세포 중 어느 하나를 형질도입할 수 있다는 점에서 기능적이라는 것을 입증한다.

[0372] 표 5

	HEK293			HepG2	
AAV	평균	오차	AAV	평균	오차
AAV2	9.07E+06	8.54E+05	AAV2	2.12E+07	1.59E+06
AAVBce36	2.11E+05	7.57E+04	AAV9_anc110VR	2.41E+06	2.01E+05
AAV7	1.60E+05	6.77E+04	AAV8_anc110GH	6.50E+05	3.64E+03
AAV8_9VRGBS	1.06E+05	6.65E+03	AAV8_9VRGBS	6.14E+05	8.37E+03
AAV8_anc110GH	9.45E+04	8.35E+03	AAVanc110_8GH	6.07E+05	5.75E+04
AAVanc110	7.89E+04	6.14E+04	AAV9	4.14E+05	3.22E+03
AAVanc110_8GH	6.96E+04	1.01E+04	AAV8_anc110VR	2.76E+05	5.89E+04
AAV5	6.33E+04	4.82E+03	AAV5	2.33E+05	3.16E+03
AAVboWT	5.90E+04	4.36E+03	AAVBce36	1.28E+05	4.46E+04
AAV9	3.85E+04	3.93E+03	AAV7	9.96E+04	4.20E+04
AAV8_9VRGBS.ST	2.96E+04	4.45E+03	AAVanc110_8VR	7.26E+04	3.83E+03
AAV8	2.93E+04	1.80E+03	AAV9_anc110GH	6.36E+04	1.45E+04
AAV6.2_9GH	2.61E+04	4.71E+03	rh10	5.83E+04	1.63E+03
AAV8_9VRGH.PHP	2.45E+04	1.43E+04	AAV6	4.13E+04	4.44E+03
AAV8_9VRGBS.PA	1.64E+04	5.58E+03	AAV8_9VRGH.PHP	3.89E+04	2.22E+04
AAV6	1.64E+04	2.29E+03	AAV8	3.54E+04	4.86E+03
AAVanc110_9VR	1.49E+04	3.33E+03	AAVanc110_9VR	3.35E+04	3.91E+03
AAV8_9VRGBS.SA	1.37E+04	1.65E+03	AAVanc110	3.18E+04	2.32E+04
rh10	1.09E+04	1.79E+03	AAVanc110_9GH	2.42E+04	5.33E+02
AAVanc110_9VRHS	1.02E+04	2.26E+03	AAV7_rh10VRGH	8.44E+03	7.72E+02
AAVanc110_8VR	9.67E+03	1.76E+03	AAV_Anc110	8.14E+03	5.22E+01
AAV8_9VRGBS.MI	7.13E+03	3.07E+03	AAV8_9VRGBS.PHP	4.19E+03	2.47E+03
AAV12	5.93E+03	1.97E+03	AAV8_6VR	3.87E+03	8.42E+02
AAV8_9VRGBS.PHP	5.70E+03	3.59E+03	AAVanc110_9VR.PHP	2.66E+03	3.94E+02
AAV9_anc110VR	5.42E+03	4.20E+03	AAVboWT	2.58E+03	8.17E+02
AAV8_9VRGH	5.24E+03	4.99E+02	cap 대조군 없음	2.18E+03	3.70E+02

[0373]

[0374]

AAV9_anc110GH	2.57E+03	1.81E+03	Anc110_8VRGBS	1.45E+03	4.08E+02
AAV7_rh10VRGH	1.70E+03	3.44E+02	AAV9_rh10VRGH	1.30E+03	2.03E+02
AAVanc110_9GH	1.51E+03	9.65E+01	AAV9_rh10VRGBS	1.26E+03	1.10E+02
AAVbo_9GH	1.01E+03	9.05E+01	AAVrh10_9VRGBS	7.92E+02	6.42E+02
AAV_Anc110	9.61E+02	1.78E+02	AAVanc110_9GH.PHP	6.78E+02	2.18E+02
AAVmo_9VRGH	7.29E+02	3.87E+02	AAV8_7VRGH	5.35E+02	1.13E+02
AAVanc110_9VR.PHP	6.95E+02	8.71E+02	AAV4_2VRGH	4.85E+02	3.04E+02
cap 대조군 없음	6.85E+02	7.13E+01	AAVmo_8GH	4.71E+02	1.01E+02
AAVrh10_9VRGBS	6.55E+02	6.87E+02	AAVmo_9GH	3.92E+02	9.89E+01
AAV8_7VRGH	4.93E+02	4.72E+02	AAV4_9VRGH	3.76E+02	1.07E+02
AAV7_9GH	4.93E+02	1.35E+02	AAV4_8VRGH	3.10E+02	1.40E+01
AAV8_9VRGBS.MA	4.91E+02	4.35E+01	AAV7_9GH	3.01E+02	9.52E+01
AAV8_6VR	4.52E+02	1.22E+02	AAV4_2VR	2.83E+02	8.36E+00
AAV4_2VR	4.06E+02	2.40E+02	AAV8_6VRGBS	2.63E+02	5.38E+01
AAV9_rh10VRGH	3.94E+02	1.44E+02	AAVmo_8VRGH	2.52E+02	1.48E+01
음성	3.19E+02	7.49E+01	AAVBce36_9VRGBS	2.44E+02	2.03E+02
AAV4_2GH	3.04E+02	5.38E+01	AAVBce41_8VRGBS	2.33E+02	5.34E+01
Anc110_8VRGBS	3.02E+02	5.09E+01	AAV4_9GH	2.10E+02	3.50E+01
AAV4_8VRGH	2.69E+02	2.62E+01	AAV4_8VR	1.97E+02	1.38E+01
AAV8_9VRGBS.MK	2.53E+02	1.10E+01	AAV4_8GH	1.89E+02	2.26E+01
AAVanc110_9GH.PHP	2.49E+02	9.90E+01	AAV8_7VRGBS	1.86E+02	5.92E+01
AAV4_2VRGH	2.49E+02	1.03E+02	AAVbo_8VR	1.57E+02	6.67E-01
AAVmo_8GH	2.49E+02	2.25E+01	AAVmo_8VR	1.53E+02	5.21E+00
AAV4_8GH	2.34E+02	6.31E+01	AAVbo_9VR	1.43E+02	1.07E+01
AAVmo_9GH	2.28E+02	5.11E+01	AAVmo_9VRGH	1.39E+02	6.77E+00
AAVBce36_9VRGBS	2.06E+02	1.55E+02	AAVbo_8VRGH	1.32E+02	1.04E+01
AAVmo_8VRGH	1.92E+02	1.36E+01	AAVmo_9VR	1.26E+02	1.62E+01
AAV9_rh10VRGBS	1.62E+02	9.99E+00	Anc110_5VR	1.05E+02	1.51E+01
AAVmo_8VR	1.60E+02	3.38E+01	AAV8_5VR	8.55E+01	1.64E+01
AAVBce41_8VRGBS	1.58E+02	5.01E+01	AAV7_rh10VR	6.67E+01	2.38E+01

[0375]

AAV4_9VRGH	1.52E+02	1.21E+01	AAV7_rh10VRGBS	5.13E+01	8.74E+00
Anc110_5VR	1.49E+02	5.87E+00	AAV8_6VRGH	4.75E+01	1.11E+01
AAVbo_9VR	1.37E+02	1.21E+01			
AAV4_9GH	1.33E+02	9.27E+00			
AAV8_7VRGBS	1.29E+02	1.04E+01			
AAV8_7VRGH	1.29E+02	2.00E+01			
AAV4_8VR	1.25E+02	8.36E+00			
AAVbo_8VR	1.22E+02	2.00E+00			
AAVmo_9VR	1.21E+02	1.09E+01			
AAVbo_8VRGH	1.21E+02	1.31E+01			
AAV8_5VR	1.11E+02	1.94E+01			
AAV7_rh10VR	1.10E+02	1.28E+01			
AAV8_6VRGBS	9.60E+01	7.39E+00			
AAV6.2_9VRGBS	9.53E+01	1.22E+01			
AAV7_rh10VRGBS	8.40E+01	3.46E+00			
AAV8_6VRGH	7.84E+01	5.62E+00			

[0376] 다음으로, 본 발명의 특정 조작된 AAV 입자가 신경교세포를 형질도입시키는 능력을 조사하였다. 인간 교모세포종 U87MG 세포를 96웰 플레이트에 5×10^4 세포/웰로 분주하고, 밤새 항온처리하였다. 에토포시드를 감염 당일에 최종 농도 4μM이 되도록 첨가하였다. 상이한 미정제 AAV 입자를 2000 MOI가 되도록 첨가하였고, 감염 72시간 후 RLU 단위로 형질도입 데이터를 측정하였다. 표 6에 나타낸 바와 같이, 조작된 AAV 변이체는 신경교세포를 다양한 효율로 형질도입시키는 능력을 보유하였다.

[0377] 표 6 : U87MG 신경아교세포 형질도입 데이터 :

AAV	평균	오차
AAV2	3.89E+06	5.32E+05
AAV8_9VRGBS	1.34E+05	1.74E+04
AAV5	9.51E+04	1.26E+04
AAV8_anc110GH	6.05E+04	8.85E+03
AAV9	2.52E+04	1.68E+03
anc110_9VR	1.05E+04	1.47E+03
anc110_9VR.PHP	2.53E+03	5.81E+02
AAVanc110_8VR	1.38E+03	5.67E+01
anc110_9GH	1.19E+03	3.05E+02
anc110_9GH.PHP	9.22E+02	2.39E+01
anc110_8GH	4.55E+02	1.57E+01

[0378]

[0379] 인간 혈청 중의 항체에 의한 본 발명의 조작된 AAV 입자의 중화 또한 조사되었다. HEK293T 세포를 5×10^4 세포/웰의 밀도로 접종하고, 밤새 항온처리하였다. 정제된 rAAV를 2×10^6 vg/㎕의 최종 역가로 희석하고, 그리고 1시간 동안 일련의 희석된 IVIG (0~10 mg/mℓ)와 혼합하였다. 재조합 AAV를, 1000의 MOI를 사용하여 HEK293T 세포 상에 첨가하고, 그리고 37℃에서 항온처리하였다. 감염 72시간 후, IVIG 중화는 상대적 루시퍼라제 단위 (RLU) 판독 값에 기초하여 분석하였다. 이 연구에서는 에토포시드가 사용되지 않았다. 결과는 표 7에 제공된다. 예상대로, AAV2 형질 도입 (양성 대조군)은 인간 IVIG의 첨가에 의해 폐지되었다. 대조적으로, 시험된 조작된 AAV 중 특정 일부는 IVIG 저항성 특성을 나타냈다.

[0380] 표 7: IVIG 중화 데이터:

IVIG (mg/ml)	10	5	2.5	1.25	0.625	0.312	0.156	0.0781	0.039	0.01
AAV2	44	55	46	65	73	76	1351	11462	71835	681882
AAV5	60	56	46	39	725	4872	9210	12821	14065	14154
AAV8	29	45	49	39	139	2029	13742	32098	49373	66066
AAV9	27	40	53	59	45	444	1462	6820	13934	23233
AAVrh10	45	37	59	39	31	537	3429	13190	25726	34653
Bce36	32	41	18	78	64	340	3398	21732	39388	64691
AAV8_9VRGBS	57	46	36	42	60	236	1966	7223	12080	20501
AAVanc110_9VR	44	55	57	40	45	126	363	1473	2161	3462
Bce41	36	33	47	44	58	643	3644	10161	15275	25008
Bba41	40	38	55	47	45	57	1096	4459	6661	8308
Bba42	27	17	32	31	47	42	260	2125	2964	4203
Bba43	44	35	42	36	28	288	2130	6457	12626	18284
AAV6.2-9GH	26	35	45	37	39	82	159	2691	12087	38922
AAV8-9VRGH	39	31	37	39	38	110	1408	6235	10488	16625
AAV7	38	44	26	44	58	276	500	2891	5432	10224
AAV6	47	39	103	206	81	101	577	2319	5734	9976
AAVBba30	32	34	34	57	48	45	349	1688	3335	6203
AAVanc110	42	39	14	43	36	105	462	1354	2822	4005
AAVanc110-9VRGBS	29	37	35	39	48	39	172	819	2172	2922

[0381]

[0382] 조작된 AAV 입자 중 일부는 상이한 AAV 캡시드 서열로부터 부여된 GBS 영역으로 치환된 GBS 영역을 갖는다. 글리칸 결합 특성에 대한 이러한 치환의 효과가 조사되었다. 예를 들어, 모든 가변 영역 (VR I 내지 VR IX)과 AAV9 (AAV8_9VRGBS)의 GBS 영역의 치환을 갖는, AAV8 골격 서열을 갖는 조작된 AAV 변이체에서 갈락토스 결합을 조사하였다. Pro5, Lec1 및 Lec2 세포를 96 웰 플레이트에 5×10^4 세포/웰로 분주하고, 밤새 항온처리하고, 이후 감염 전에 30분 동안 4℃로 냉각하였다. 재조합 AAV 입자를 10,000의 MOI로 첨가하고, 그리고 추가 2시간 동안 4℃에서 항온처리하였다. DMEM 배지의 2회 세정 후, 세포를 48시간 동안 DMEM, 10% 소 태아 혈청 중 37℃에서 항온처리하고, 그리고 RLU를 측정하였다. 표 8에 나타낸 바와 같이, 이러한 특정 조작된 AAV 변이체는 야생형 AAV9와 유사하게 Lec2에 결합하는 능력을 나타내며, 이는 본 발명의 조작된 키메라 AAV 캡시드 단백질을 포함하는 AAV 바이러스의 글리칸 결합 특성은 골격 서열로 교환된 GBS 영역의 공여체 공급원에 의하여 계측된다는 것을 입증한다.

[0383] 표 8 : 글리칸 결합 데이터

	Pro5 (시알산)		Lec1 (만노스)		Lec2 (갈락토스)	
	평균	표준편차	평균	표준편차	평균	표준편차
AAV9	4.21E+03	1.76E+03	3.56E+03	6.82E+02	1.22E+05	2.90E+04
AAV8_9VRGH	3.11E+03	9.29E+02	1.79E+03	4.04E+02	1.19E+05	2.34E+04
AAV8_9VRGBS	3.72E+03	7.71E+02	3.36E+03	1.14E+03	1.09E+05	4.21E+04
AAV6.2_9GH	5.58E+02	1.06E+02	1.90E+02	7.55E+01	7.70E+04	2.11E+04
AAVanc110_9VRGBS	4.26E+02	1.05E+02	3.71E+02	6.52E+01	2.67E+04	7.26E+03
AAV8	4.74E+03	1.46E+03	6.37E+03	4.70E+03	1.34E+04	7.21E+03
AAVBce41	8.79E+03	2.50E+03	4.74E+03	2.17E+03	8.20E+03	2.20E+03
AAVanc110	1.48E+03	7.36E+02	6.61E+02	2.88E+02	2.25E+03	2.32E+02
AAVBce36	1.24E+03	3.10E+02	2.15E+03	1.60E+03	1.52E+03	1.92E+02
AAV7	2.57E+02	8.02E+01	3.66E+02	2.08E+02	6.10E+02	2.67E+02
AAVanc110_9VR	3.37E+02	9.74E+01	2.85E+02	6.08E+01	5.77E+02	2.20E+02
AAV6	3.91E+03	1.18E+03	4.12E+02	1.75E+02	5.62E+02	7.22E+01
AAVanc110_9GH	4.25E+01	7.55E+00	4.05E+01	1.34E+01	1.64E+02	1.26E+02
AAVBba43	5.20E+01	1.34E+01	5.45E+01	8.70E+00	1.31E+02	5.94E+01
AAV5	3.66E+04	3.45E+03	1.84E+02	5.09E+01	1.28E+02	3.07E+01
AAVBba42	7.30E+01	1.37E+01	6.00E+01	2.16E+01	1.16E+02	2.03E+01
AAVBba41	7.25E+01	1.33E+01	5.55E+01	8.54E+00	9.60E+01	3.07E+01
AAVBba30	9.35E+01	7.24E+01	8.50E+01	4.56E+01	4.75E+01	1.70E+01

[0384]

[0385] 본원에 개시된 AAV 캡시드의 조직 특이적 감염성을 계측하기 위해, 캡시드 각각을 포함하고 루시퍼라제 전이유전자를 발현하는 AAV가 생성되었다 (AAV-RSV-egfp-T2A-Fluc2). 수컷 Balb/C 마우스는 찰스 리버 브리딩 레보러토리스(Charles River Breeding Laboratories) 사에서 구입하였다. AAV-RSV-egfp-T2A-Fluc2 벡터의 2×10^{13} vg/kg의 용량을 8주령 마우스의 꼬리 정맥 내로 주사하였다. 주사 3주 및 5주 후에, 생체내 생물발광 영상화를 생체내 영상화 장치 [메사추세스주 월섬 소재의 펄킨 엘머 사(PerkinElmer Inc.)로부터 수득된 IVIS 일루미나 LT]를 사용하여 수행하였다. 간단히 말하면, 마우스를 2% 이소플루오란 및 산소로 마취시켰다. RediJect D-루시페린 생물발광 기질(30mg/㎖) 150㎕를 복강 내 주사하였다. 기질 주입 10분 후, 동물을 냉각된 전하 결합 소자(CCD) 카메라를 사용하여 생체내 영상화 장치로 영상화하였다. 영상은 동물의 배측 (dorsal) 위치에서 촬영되었다. 마취는 라이트-타이트(light-tight) 영상화 챔버에서 이소플루오란-산소 전달에 의해 전체 영상화 세션 동안 유지되었다.

[0386] 마우스는 AAV 주사 후 5주에 영상화 세션을 한 후 희생되었다. 다양한 기관을 수거하여, 영상화 장치를 사용하여 영상화하였다. 측정 조건은 생체내 영상화에 사용된 것과 동일하였다.

[0387] 영상화를 위해, 동물의 그레이-스케일(gray-scale) 사진을 획득한 다음 생물발광 영상을 획득하였다. 영상 데이터는 리빙 이미지 소프트웨어 버전 4.5.2 (메사추세스 월섬 소재의 펄킨 엘머 사)를 사용하여 처리 및 분석되었다. 루시퍼라제 활성에 의해 방출되는 총 플럭스 (TF) (광자/초)를 정량화하기 위하여, 관심 영역 (ROI)을 각 동물뿐만 아니라 개별 기관 주위에서 추적하였다. 총 플럭스 활성은 각 기관계의 AAV 감염성의 프록시이며, 표 9에서 각 AAV 캡시드에 대해 표시된다. 다양한 캡시드에 의해 부여된 조직 특이적인 감염성을 추가로 특성화하기 위해, 감염된 마우스로부터의 조직을 수거하고 절편화하였다. GFP를 발현하는 세포의 백분율을 각각에 대해 정량화하였다 (표 10 참조). 이러한 데이터는 특정 캡시드 및 키메라 캡시드를 함유하는 AVV가 상이한 조직 특이성을 나타내며, 예를 들어 일부 AAV는 간에서 보다 활성인 반면, 다른 것들은 근육 조직에서 보다 활성이다. 특히, 데이터는 캡시드 AAVanc110_9VR 및 Bba41이 근육 세포에 대한 고도의 특이성을 갖는 재조합 AAV를 생산한다는 것을 입증한다. 따라서, 캡시드 AAVanc110_9VR 또는 캡시드 Bba41을 포함하는 재조합 AAV는 표적화된 전이유전자의 근육 세포로의 전달에 유용할 것이다.

[0388] 표 9 : 조직의 총 플럭스 (광자/초/㎠/라디안): AVE/(STD)

캡시드	뇌	폐	심장	간	비장	신장	장딴지근*	사두근** **	앞 다리
AAV5	2.14E+04 (5.75E+03)	9.41E+05 (4.50E+05)	9.57E+03 (2.80E+03)	2.75E+06 (6.58E+05)	2.63E+03 (1.94E+03)	1.11E+04 (1.75E+03)	2.38E+04 (1.44E+04)	1.12E+04 (7.74E+03)	1.45E+03 (6.40E+02)
AAV8	2.31E+06 (7.88E+05)	4.83E+06 (2.34E+06)	6.57E+06 (1.71E+06)	4.58E+08 (1.82E+08)	7.34E+05 (2.84E+05)	2.63E+06 (5.58E+05)	6.87E+06 (4.71E+06)	9.25E+06 (4.83E+06)	1.91E+05 (1.55E+04)
AAV9	2.35E+06 (4.35E+05)	2.21E+06 (7.75E+05)	1.71E+07 (4.45E+06)	1.75E+08 (4.65E+07)	5.57E+05 (2.64E+05)	1.54E+06 (8.70E+05)	4.59E+07 (4.75E+07)	4.63E+07 (2.21E+07)	2.58E+06 (2.10E+06)
AAV8_9VRGBS	8.18E+05 (2.02E+05)	2.02E+06 (1.58E+06)	2.75E+06 (6.56E+05)	1.80E+08 (3.48E+07)	1.79E+05 (1.56E+04)	8.84E+05 (1.70E+05)	1.49E+06 (5.65E+05)	1.46E+06 (1.07E+05)	1.00E+05 (5.20E+04)
Anc110_9VR	1.87E+06 (1.68E+06)	7.79E+05 (2.73E+05)	1.28E+07 (4.54E+06)	1.80E+07 (4.25E+06)	5.83E+05 (7.37E+05)	9.34E+05 (5.53E+05	1.72E+08 (1.84E+08)	8.88E+07 (6.55E+07)	2.69E+06 (1.74E+06)
Anc110_9GH	6.22E+03 (2.26E+03)	1.07E+04 (3.30E+03)	5.56E+03 (2.25E+03)	3.62E+05 (1.87E+05)	5.75E+03 (2.01E+03)	1.07E+04 (2.49E+03)	1.57E+04 (1.86E+04)	8.06E+03 (2.92E+03)	3.96E+03 (1.25E+03)
Anc110_9VRGBS	9.71E+04 (2.92E+04)	2.644E+05 (8.05E+04)	2.75E+06 (1.55E+06)	1.30E+07 (3.93E+06)	2.91E+04 (2.52E+03)	4.50E+05 (1.12E+05)	1.95E+07 (1.77E+07)	2.17E+07 (1.23E+07)	5.64E+05 (3.67E+05)
AAV6	5.72E+03 (3.77E+03)	6.60E+04 (4.18E+04)	7.61E+04 (3.87E+04)	9.23E+06 (5.37E+06)	4.98E+03 (4.23E+03)	1.87E+04 (1.14E+04)	1.68E+04 (2.82E+04)	3.19E+04 (4.26E+04)	1.72E+03 (2.34E+03)
AAVanc110	1.12E+05 (3.58E+04)	9.13E+05 (3.58E+05)	5.18E+05 (3.01E+05)	1.50E+08 (5.98E+07)	1.14E+05 (2.32E+04)	5.25E+05 (1.86E+05)	2.31E+05 (1.02E+05)	3.34E+05 (1.80E+05)	1.65E+04 (1.16E+04)
AAV6.2_9GH	3.20E+05 (1.59E+05)	9.94E+05 (3.22E+05)	1.41E+07 (4.99E+06)	5.63E+07 (1.66E+07)	9.32E+04 (3.59E+04)	1.21E+06 (3.78E+05)	9.56E+07 (7.74E+07)	6.96E+07 (2.16E+07)	1.46E+06 (6.74E+05)
AAV8_9VRGH	9.10E+04 (3.29E+04)	1.32E+06 (5.46E+05)	7.74E+05 (6.25E+05)	2.02E+08 (6.00E+07)	1.36E+05 (5.76E+04)	5.88E+05 (9.00E+04)	5.33E+05 (4.37E+05)	1.02E+06 (8.28E+05)	4.86E+04 (3.59E+04)
AAV7	1.47E+05 (1.16E+05)	1.03E+06 (7.65E+05)	8.04E+05 (5.40E+05)	1.47E+08 (6.17E+07)	1.47E+05 (3.72E+04)	1.13E+06 (1.10E+06)	7.04E+05 (4.48E+05)	6.52E+05 (4.34E+05)	4.42E+04 (2.04E+04)
AAVBce36	1.58E+05 (1.31E+04)	3.55E+05 (5.40E+04)	1.35E+06 (6.18E+05)	1.53E+08 (5.03E+06)	4.15E+05 (1.13E+05)	3.77E+05 (8.99E+04)	4.06E+05 (2.02E+05)	7.02E+05 (6.58E+05)	1.76E+04 (1.91E+04)
AAVBce41	1.07E+05 (4.06E+04)	3.92E+05 (4.13E+04)	7.54E+05 (6.44E+04)	1.49E+08 (5.00E+06)	5.79E+05 (2.54E+05)	5.35E+05 (4.75E+05)	3.32E+06 (4.62E+06)	1.64E+06 (5.94E+05)	5.18E+04 (3.47E+04)
AAVBba41	2.43E+05	3.75E+05	9.63E+06	1.36E+07	6.70E+04	9.90E+05	1.79E+08	2.32E+08	3.62E+06

[0389]

AAVBba43	1.50E+05 (7.00E+04)	4.11E+05 (1.98E+05)	7.41E+06 (3.12E+06)	2.00E+07 (3.64E+06)	5.17E+04 (3.20E+04)	7.45E+05 (1.86E+05)	3.90E+07 (1.04E+07)	6.60E+07 (3.12E+07)	8.51E+05 (4.08E+05)
AAVBba30	1.10E+05 (6.96E+04)	4.74E+05 (2.55E+05)	3.10E+06 (1.43E+06)	1.24E+07 (3.66E+06)	1.99E+04 (1.00E+04)	5.18E+05 (9.89E+04)	2.00E+07 (8.52E+06)	2.38E+07 (7.17E+06)	5.77E+05 (2.65E+05)
AAV12	5.08E+03 (3.05E+03)	1.72E+05 (8.26E+04)	1.74E+04 (1.86E+03)	4.17E+06 (1.29E+06)	1.44E+03 (9.26E+02	2.22E+04 (1.56E+04)	2.48E+05 (1.45E+05)	6.63E+05 (1.90E+05)	2.02E+04 (6.39E+04)
AAVBba33	1.86E+04 (1.11E+04)	2.20E+06 (1.20E+06)	2.37E+04 (1.35E+04)	1.18E+07 (5.28E+06)	2.65E+04 (1.36E+04)	3.56E+04 (1.80E+04)	2.79E+04 (3.18E+04)	1.22E+04 (6.27E+03)	7.75E+03 (8.64E+03)
AAVBba26	8.00E+02 (2.33E+03)	7.41E+03 (6.31E+03)	2.17E+04 (1.18E+04)	2.51E+04 (7.43E+03)	8.10E+02 (1.82E+03)	2.28E+03 (2.27E+03)	7.38E+04 (4.11E+04)	8.65E+04 (6.90E+04)	9.35E+03 (4.67E+03)
AAVBba44	1.41E+04 (1.05E+04)	8.76E+04 (4.40E+04)	5.29E+05 (2.87E+05)	8.05E+05 (4.43E+05)	6.90E+03 (8.53E+03)	1.05E+05 (1.11E+05)	2.17E+06 (1.47E+06)	1.94E+06 (1.63E+06)	6.40E+04 (3.60E+04)
AAVrh10	4.47E+04 (1.29E+04)	1.29E+05 (4.52E+04)	1.90E+05 (1.05E+05)	6.84E+07 (1.84E+07)	4.88E+04 (1.34E+04)	2.03E+05 (1.13E+05)	6.30E+05 (5.22E+05)	4.59E+05 (2.48E+05)	4.38E+04 (6.63E+04)
AAVBfm25	2.84E+04 (1.71E+04)	2.15E+05 (1.60E+05)	1.65E+05 (1.14E+05)	4.72E+07 (3.31E+07)	4.37E+04 (2.95E+04)	2.46E+05 (1.99E+05)	1.29E+07 (2.52E+07)	1.77E+05 (8.78E+04)	2.63E+04 (4.27E+04)
AAVBfm34	4.08E+04 (3.95E+03)	1.29E+05 (5.91E+04)	1.12E+06 (8.04E+05)	4.58E+07 (1.40E+07)	5.93E+04 (2.20E+04)	2.90E+05 (1.26E+05)	4.86E+06 (4.35E+06)	4.56E+06 (3.15E+06)	5.36E+04 (2.67E+04)
AAVBce18	5.22E+04 (5.51E+04)	2.10E+05 (1.89E+05)	1.85E+05 (1.23E+05)	1.03E+08 (1.30E+08)	8.57E+04 (8.51E+04)	2.65E+05 (3.36E+05)	1.19E+05 (7.19E+04)	1.72E+05 (1.30E+05)	2.61E+03 (1.64E+03)
AAVBrh28	7.72E+04 (3.27E+04)	2.62E+05 (8.93E+04)	1.21E+06 (4.38E+05)	7.27E+07 (2.83E+07)	6.86E+04 (3.00E+04)	3.76E+05 (1.31E+05)	1.93E+06 (7.29E+05)	2.29E+06 (1.09E+06)	8.59E+04 (4.89E+04)
AAVBce20	4.35E+04 (1.80E+04)	2.18E+05 (8.33E+04)	6.48E+05 (2.59E+05)	4.48E+07 (1.14E+07)	5.82E+05 (2.58E+04)	4.85E+05 (1.74E+05)	3.59E+07 (7.32E+07)	2.77E+06 (1.06E+05)	1.92E+05 (6.47E+04)

[0390]

[0391] *장딴지근(Gast.) = 장딴지근

[0392] **사두근(Quad.) = 사두근

[0393] 표 10

	가로막	사두근	장딴지근	심장	간
AAV5	0%	5%	2%	NA	8%
AAV8	15%	2%	22%	NA	18%
AAVanc110_9VR	49%	29%	48%	18%	0.6%
Bba41	70%	24%	34%	32%	0.2%

[0394]

서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> BIOMARIN PHARMACEUTICAL INC.

<120> NOVEL ADENO-ASSOCIATED VIRUS CAPSID PROTEINS

<130> 30610/50821A

<150> US-62/366,838

<151> 2016-07-26

<160> 160

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 1

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> 2

<211> 713

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 2

Met Ser Phe Phe Asp Trp Leu Gly Lys Gln Tyr Ala Gln Gly Ala Ala

1 5 10 15

Glu Phe Trp Asp Leu Lys Ser Gly Pro Pro Ala Pro Lys Lys Ala Arg

20 25 30

Lys Asp Gly Ser Ala Gly Phe Asn Phe Pro Gly His Lys Tyr Leu Gly

35 40 45

Pro Gly Asn Ser Leu Asp Arg Gly Asp Pro Val Asp Ala Asp Asp Ala

50 55 60

Ala Ala Gln Lys His Asp Gln Ser Tyr Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gly

65 70 75 80

Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp Arg Glu Phe Gln Glu

85 90 95

Ala Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Glu Gly Asn Leu Ala Arg Gly Leu

100 105 110

Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val Ala Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Pro

115 120 125

Glu Leu Ala Pro Pro Ser Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Ser Ser Gln

130 135 140

Glu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Gln Asp Lys Arg Pro Asn Leu Asp Val

145 150 155 160

Asp Glu Glu Asp Arg Glu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Glu Thr

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Asn Leu Gly Pro Gly Thr Met Ala Gly

180 185 190

Gly Gly Ser Ala Pro Ile Asp Asp Gly Ser Tyr Gly Ala Asp Gly Val

195 200 205

Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Asp Asn

210 215 220

Cys Val Ile Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Asn Leu Pro Thr Tyr Asn

225 230 235 240

Asn His Ile Tyr Lys Arg Leu Asn Gly Thr Thr Ser Gly Asp Gln Ser

245 250 255

Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

260 265 270

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

275 280 285

Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Leu Arg Phe Lys Ile Phe Asn Ile Gln

290 295 300

Val Lys Glu Val Thr Thr Gln Asp Ser Thr Lys Ile Ile Ser Asn Asn

305 310 315 320

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Thr Glu Tyr Gln Leu Pro

325 330 335

Tyr Val Ile Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

340 345 350

Asp Val Phe Met Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Thr Arg Gln Asp Gly

355 360 365

Asn Ser Asn Asn Pro Thr Pro Arg Ser Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

370 375 380

Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr

385 390 395 400

Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Trp Ala His Asn Gln Ser

405 410 415

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

420 425 430

Asp Val Thr Ser Ser Thr Gly Phe Thr Tyr Gln Lys Gly Val His Thr

435 440 445

Asn Leu Pro Glu Gln Glu Arg Asn Trp Leu Pro Gly Pro Gly Ile Arg

450 455 460

Asn Gln Ala Trp Phe Asn Ser Ala Thr Gly Asn Asn Pro Leu Thr Gly

465 470 475 480

Thr Trp Gln Tyr Ser Asn Lys Tyr Val Leu Glu Asn Arg Ala Ser Lys

485 490 495

Ile Ala Pro Gly Pro Ala Met Gly Ile Glu Ser Thr Lys Phe Asp Gly

500 505 510

Asn Gly Ile Ile Phe Ser Lys Glu Tyr Ile Thr Asn Val Asn Thr Ala

515 520 525

Asn Pro Asn Gln Val Asn Ile Thr Arg Glu Thr Glu Ile Asn Ser Thr

530 535 540

Asn Pro Leu Ala Gly Gly Ser Leu Gly Ala His Ala Asn Asn Ser Gln

545 550 555 560

Asn Thr Thr Thr Ala Pro Thr Leu Asp His Thr Asn Val Met Gly Val

565 570 575

Phe Pro Gly Ser Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Gln

580 585 590

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro

595 600 605

Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

610 615 620

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Glu Phe Asn Ala Asn

625 630 635 640

Lys Ile Ser Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val

645 650 655

Glu Met Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro

660 665 670

Glu Ile Gln Tyr Ser Asp Asp Ser Ser Ser Thr Ser Gly Ser Ile Leu

675 680 685

His Phe Ala Pro Asp Asp Val Gly Asn Tyr Lys Glu Phe Arg Ser Ile

690 695 700

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710

<210> 3

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 3

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> 4

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 4

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> 5
<211> 724
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 5
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> 6

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 6

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe 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> 7
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus

<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 Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

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> 8

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 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> 9

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 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> 10
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<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
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> 11

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
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> 12

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 12

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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> 13

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 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> 14

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 14

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 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 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 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 Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Ala Gly Thr Gln Thr Leu Gln 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 Thr Lys Tyr His 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 Asn Val Asp Tyr Ser Gln 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 Ala Val Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val 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 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> 15

<211> 742

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 15

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ser 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 Lys 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 Thr 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 Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Val Val Thr Gly Glu
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 Pro 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 Ser
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 Ser 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 Gln 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 Leu 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 Asp 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 Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg
725 730 735
Phe Leu Thr His His Leu
740

<210> 16
<211> 739
<212> PRT
<213> Papio hamadryas
<400> 16
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Gly Asn Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Leu 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 Asp 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly
145 150 155 160

Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser
165 170 175
Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Gly Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly
180 185 190
Gln Pro Pro Ala Ala Pro Pro Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser
195 200 205
Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val
210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp
225 230 235 240
Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn
245 250 255
Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270
Asn His 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 Ile Phe Asn
305 310 315 320
Val Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln
450 455 460
Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg
465 470 475 480

Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr
485 490 495
Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys
500 505 510
Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met
515 520 525
Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val
530 535 540

Leu Val Phe Gly Gln Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Asp Asn
545 550 555 560
Val Leu Val Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala
565 570 575
Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ser Asn Thr
580 585 590
Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met
595 600 605

Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys
610 615 620
Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly
625 630 635 640
Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro
645 650 655

Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser
660 665 670

Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp
675 680 685
Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr
690 695 700
Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala
705 710 715 720
Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
725 730 735

Arg Asn Leu

<210> 17
<211> 739
<212> PRT
<213> Papio hamadryas
<400> 17
Val Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys 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 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly

145 150 155 160

Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser

165 170 175

Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly

180 185 190

Gln Pro Pro Ala Ala Pro Pro Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser

195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val

210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Arg Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp

225 230 235 240

Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn

245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln

450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg

465 470 475 480

Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr

485 490 495

Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys

500 505 510

Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met

515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val

530 535 540

Leu Val Phe Gly Gln Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Asp Asn

545 550 555 560

Val Leu Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575

Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ser Asn Thr

580 585 590

Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met

595 600 605

Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys
610 615 620
Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640
Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro
645 650 655
Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser
660 665 670
Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp
675 680 685
Glu Leu Gln Lys Glu Asn Gly Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700
Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala
705 710 715 720
Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
725 730 735
Arg Asn Leu

<210> 18
<211> 739
<212> PRT
<213> Papio hamadryas
<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 Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn 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

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 Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Arg Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly
145 150 155 160
Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser
165 170 175
Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly
180 185 190
Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser
195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val
210 215 220
Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp
225 230 235 240
Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn
245 250 255
Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Cys Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln
450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg
465 470 475 480
Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr
485 490 495
Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys
500 505 510
Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met
515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val
530 535 540
Leu Val Phe Gly Gln Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Asp Asn
545 550 555 560
Val Leu Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575

Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ser Asn Thr

580 585 590

Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met

595 600 605

Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys

610 615 620

Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640

Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

645 650 655

Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser

660 665 670

Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp

675 680 685

Glu Leu Gln Lys Glu Asp Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700

Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala

705 710 715 720

Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730 735

Arg Asn Leu

<210> 19

<211> 739

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 19

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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

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 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly

145 150 155 160

Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Gly Gln Ser Gly Asp Ser

165 170 175

Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly

180 185 190

Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser

195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val

210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp

225 230 235 240

Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn

245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ala Asp Ser Glu Tyr Leu

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 Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln

450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg

465 470 475 480

Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr

485 490 495

Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys

500 505 510

Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met

515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val

530 535 540

Leu Val Phe Gly Gln Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Asp Asn

545 550 555 560

Val Leu Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575

Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ser Asn Thr

580 585 590

Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met

595 600 605

Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys

610 615 620

Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640

Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

645 650 655

Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser

660 665 670

Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp

675 680 685

Glu Leu Gln Lys Glu Asp Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700

Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala

705 710 715 720

Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730 735

Arg Asn Leu

<210> 20

<211> 742

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 20

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ser 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 Lys 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 His
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 Thr 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 Gly 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 Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Val Val Thr Gly Glu

370 375 380

Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Cys Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Ile 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 Ser

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 Gln Ser Gly Asn Thr Thr Thr Ser

545 550 555 560

Ser Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu Glu Glu Ile Ala Ala 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 Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg

725 730 735

Phe Leu Thr His His Leu

740

<210> 21

<211> 742

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 21

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ser 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 Lys 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 Thr 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 Gly 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 Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Val Val Thr Gly Glu

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 Ile 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 Ser

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 Ser 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 Gln 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 Gly Asn Ala Gly Asn His His Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg

725 730 735

Phe Leu Thr His His Leu

740

<210> 22

<211> 742

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 22

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ser 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 Lys 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 Arg

145 150 155 160

Ala Pro Ala Lys Lys Lys Gln Lys Asp Gly Glu Thr 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 Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Val Val Thr Gly Glu

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 Ile 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 Ser

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 Gln Ser Gly Asn Thr Thr Thr Ser

545 550 555 560

Ser Asn Asn Leu Leu Leu 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 Gly Asn Ala Gly Asn Tyr His Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg

725 730 735
Phe Leu Thr His His Leu
740
<210> 23
<211> 739
<212> PRT
<213> Papio hamadryas
<400> 23
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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
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

Ile 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly

145 150 155 160

Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser

165 170 175

Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly

180 185 190

Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser

195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val

210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp

225 230 235 240

Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn

245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln

450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg

465 470 475 480

Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr

485 490 495

Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys

500 505 510

Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Val Asn Pro Gly Ile Ala Met

515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val

530 535 540

Leu Val Phe Gly Lys Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn

545 550 555 560

Val Leu Val Thr Asp Glu Glu Glu Val Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575

Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Asn Thr Thr

580 585 590

Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met

595 600 605

Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys

610 615 620

Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640

Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

645 650 655

Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser

660 665 670

Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp

675 680 685

Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700

Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Ala Asp Ala

705 710 715 720

Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730 735

Arg Asn Leu

<210> 24

<211> 739

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 24

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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

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 Ile 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly

145 150 155 160

Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser

165 170 175

Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly

180 185 190

Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser

195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val

210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp

225 230 235 240

Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn

245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln

450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg

465 470 475 480

Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr

485 490 495

Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys

500 505 510

Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met

515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Arg Val

530 535 540

Leu Val Phe Gly Gln Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Asp Asn
545 550 555 560
Val Leu Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575
Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ser Asn Thr
580 585 590
Asp Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met
595 600 605
Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Val Lys
610 615 620
Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640
Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro
645 650 655
Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser
660 665 670
Tyr Thr Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp
675 680 685
Gly Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700
Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala
705 710 715 720
Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
725 730 735
Arg Asn Leu

<210> 25
<211> 739
<212> PRT
<213> Papio hamadryas
<400> 25
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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 Tyr 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 Ile Pro Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly
145 150 155 160
Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser
165 170 175
Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly
180 185 190
Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser
195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val
210 215 220
Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp
225 230 235 240
Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn
245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 Ser Val Gly Arg Pro 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 Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln
450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg
465 470 475 480
Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr
485 490 495
Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys

500 505 510

Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met

515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val

530 535 540

Leu Val Phe Gly Gln Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Asp Asn

545 550 555 560

Val Leu Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575

Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ser Asn Thr

580 585 590

Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met

595 600 605

Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys

610 615 620

Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640

Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

645 650 655

Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser

660 665 670

Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp

675 680 685

Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700

Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala

705 710 715 720

Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730 735

Arg Asn Leu

<210> 26

<211> 739

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 26

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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

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 Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly
145 150 155 160

Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser
165 170 175

Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly
180 185 190

Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser
195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val

210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp

225 230 235 240

Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn

245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Thr Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Ile Ile Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln

450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg
465 470 475 480
Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr

485 490 495
Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys
500 505 510
Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met
515 520 525
Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val
530 535 540
Leu Val Phe Gly Gln Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Asp Asn

545 550 555 560
Val Leu Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala
565 570 575
Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ser Asn Thr
580 585 590
Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met
595 600 605
Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys

610 615 620
Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly
625 630 635 640
Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro
645 650 655
Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser
660 665 670
Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp

675 680 685
Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr
690 695 700
Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala

705 710 715 720

Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730 735

Arg Asn Leu

<210> 27

<211> 739

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 27

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gly Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn 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

Lys Gln Leu Glu Gln 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly

145 150 155 160

Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser

165 170 175

Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly

180 185 190

Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser

195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val

210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp

225 230 235 240

Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn

245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln

450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg

465 470 475 480

Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr

485 490 495

Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys

500 505 510

Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met

515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val

530 535 540

Leu Val Phe Gly Gln Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Asp Asn

545 550 555 560

Val Leu Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575

Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ser Asn Thr

580 585 590

Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met

595 600 605

Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Thr Trp Ala Lys

610 615 620

Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640

Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

645 650 655

Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser

660 665 670

Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp
675 680 685
Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700
Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala
705 710 715 720
Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
725 730 735
Arg Asn Leu

<210> 28
<211> 739
<212> PRT
<213> Papio hamadryas
<400> 28
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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

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 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly
145 150 155 160
Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser
165 170 175
Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly
180 185 190
Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser
195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val
210 215 220
Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp
225 230 235 240
Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn
245 250 255
Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Ser Phe Gln Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln
450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg
465 470 475 480
Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr
485 490 495
Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys
500 505 510
Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met
515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val
530 535 540
Leu Val Phe Gly Gln Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Asp Asn
545 550 555 560
Val Leu Ile Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala
565 570 575
Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ser Asn Thr
580 585 590

Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met
595 600 605
Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys
610 615 620
Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640

Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

645 650 655

Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser

660 665 670

Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp

675 680 685

Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700

Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala

705 710 715 720

Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730 735

Arg Asn Leu

<210> 29

<211> 739

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 29

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn 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 Gly 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 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly

145 150 155 160

Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser

165 170 175

Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly

180 185 190

Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser

195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val

210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp

225 230 235 240

Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn

245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln

450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg

465 470 475 480

Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr

485 490 495

Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys

500 505 510

Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Val Asn Pro Gly Ile Ala Met

515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val

530 535 540

Leu Val Phe Gly Lys Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn

545 550 555 560

Val Leu Val Thr Asp Glu Glu Glu Val Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575

Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Asn Thr Thr

580 585 590

Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met

595 600 605

Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys

610 615 620

Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640

Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

645 650 655

Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser

660 665 670

Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp

675 680 685

Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700

Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala

705 710 715 720

Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Leu Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730 735

Arg Asn Leu

<210> 30

<211> 739

<212> PRT

<213> Papio hamadryas

<400> 30

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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

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 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly

145 150 155 160

Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser

165 170 175

Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly

180 185 190

Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser

195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val

210 215 220

Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp

225 230 235 240

Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn

245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln

450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg

465 470 475 480

Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr

485 490 495

Leu Asp Gln Asn Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys

500 505 510

Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Val Asn Pro Gly Ile Ala Met

515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val

530 535 540

Leu Val Phe Gly Lys Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn
545 550 555 560
Val Leu Val Thr Asp Glu Glu Glu Val Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575
Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Asn Thr Thr
580 585 590
Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met
595 600 605
Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys
610 615 620
Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640
Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro
645 650 655
Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser
660 665 670
Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp
675 680 685
Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700
Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala
705 710 715 720
Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
725 730 735
Arg Asn Leu

<210> 31
<211> 739
<212> PRT
<213> Papio hamadryas
<400> 31
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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

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 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 Leu Glu Lys Thr Pro Asn Gln Pro Thr Asp Thr Gln Ala Ala Gly
145 150 155 160
Gln Thr Pro Ala Lys Lys Arg Pro Gln Gly Glu Gln Ser Gly Asp Ser
165 170 175
Ala Arg Arg Gln Leu Asp Phe Asp Pro Gln Pro Ala Ala Pro Ile Gly
180 185 190
Gln Pro Pro Ala Ala Pro Ser Pro Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser
195 200 205

Gly Gly Gly Gly Pro Met Ala Asp Asp Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val
210 215 220
Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp
225 230 235 240
Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn
245 250 255

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270

Asn His 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 Ile Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Ile Glu Gly Gly Ser Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln 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 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 Gln Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Ser Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Ile Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Thr Gly Thr Gly Ser Thr Thr Ser Asn Thr Arg Gln
450 455 460

Leu Gln Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Asp Gln Ser Arg
465 470 475 480
Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr
485 490 495
Leu Asp Gln Asp Ser Asn Thr Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Ser Lys

500 505 510

Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Lys Ser Leu Val Asn Pro Gly Ile Ala Met

515 520 525

Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Gln His Gly Val

530 535 540

Leu Val Phe Gly Lys Thr Asn Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn

545 550 555 560

Val Leu Val Thr Asp Glu Glu Glu Val Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala

565 570 575

Thr Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Asn Thr Thr

580 585 590

Asn Pro Thr Thr Glu Thr Val Asn Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met

595 600 605

Ala Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys

610 615 620

Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

625 630 635 640

Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

645 650 655

Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe Thr Thr Ser Lys Phe Ala Ser

660 665 670

Tyr Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp

675 680 685

Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

690 695 700

Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ser Val Asp Ala

705 710 715 720

Ala Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

725 730 735

Arg Asn Leu

<210> 32

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 32

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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 Thr 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 Ala 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 Val 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 Arg Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu 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> 33

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 33

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp 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 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 Pro Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr 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 Ala Ile Glu Trp Glu Leu 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> 34

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 34

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp 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 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 Thr 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 Pro 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> 35

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 35

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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 Ile 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 Ile 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 Ser Arg

275 280 285

Phe His 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 Thr 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> 36
<211> 736
<212> PRT
<213> Macaca fascicularis
<400> 36
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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 Thr 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> 37

<211> 733

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 37

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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 Arg Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
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 Ala 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 Thr 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
725 730

<210> 38

<211> 730
<212> PRT
<213> Macaca fascicularis
<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 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 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 Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Asn 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 Arg 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 Glu 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 Ser

435 440 445

Thr Gly Thr Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Ala

450 455 460

Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Ile Ser Lys Thr Thr Asp Asn Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Ser Ser Leu

500 505 510

Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Ser Val

515 520 525

Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ser

530 535 540

Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Asp Glu Glu Glu Ile

545 550 555 560

Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser

565 570 575

Asn Ile Gln Ser Gln Asn Ser Asn Pro Thr Thr Gln Thr Val Asn Asn

580 585 590

Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu

595 600 605

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe

645 650 655

Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asp Lys Gln Thr Gly

690 695 700

Val Gly Phe Ala Val Asp Thr Gln Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro

705 710 715 720

Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 39

<211> 730

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 39

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Asn 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 Arg 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 Glu 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 Ser

435 440 445

Thr Gly Thr Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Ala

450 455 460

Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Ile Ser Lys Thr Thr Asp Asn Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu

500 505 510

Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Ser Val

515 520 525

Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ser

530 535 540

Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Asp Glu Glu Glu Ile

545 550 555 560

Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser

565 570 575

Asn Ile Gln Ser Gln Asn Ser Asn Pro Thr Thr Gln Thr Val Asn Asn

580 585 590

Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu

595 600 605

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe

645 650 655

Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asp Lys Gln Thr Gly

690 695 700

Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Gln Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro

705 710 715 720

Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 40

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<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 Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Pro Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Phe Glu Pro
115 120 125

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 Ser 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 Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Lys 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 Asn 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 Glu Val Ala Ile Asn Asp 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

Met 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 Ser Asp 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> 41

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 41

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gly Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

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 Ser 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 Pro 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 Ala 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 Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Lys 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 Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Ser 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 Glu Val Ala Ile Asn Asp 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 Ser Asp 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> 42

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 42

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gly Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 Ser 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 Ile 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 Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Lys 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 Asn 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 Met 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 Glu Val Ala Ile Asn Asp 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 Ser Asp 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> 43

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<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 Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 Ser Thr Ser Gly Gly Gly 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 His 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 Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Lys Asp 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 Asn 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 Glu Val Ala Val Asn Asp 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 Leu 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 Ser Asp 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> 730
<212> PRT
<213> Macaca fascicularis
<400> 44
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Pro Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asn 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 Pro Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Arg 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 Glu 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 Pro Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Ser
435 440 445
Thr Gly Thr Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Ala
450 455 460
Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg

465 470 475 480
Gln Gln Arg Ile Ser Lys Thr Thr Asp Asn Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495
Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu
500 505 510
Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Ser Val
515 520 525
Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ser

530 535 540
Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Asp Glu Glu Glu Ile
545 550 555 560
Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser
565 570 575
Asn Ile Gln Ser Gln Asn Ser Asn Pro Ala Thr Gln Thr Val Asn Asn
580 585 590
Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu

595 600 605
Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe

645 650 655

Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asp Lys Gln Thr Gly

690 695 700

Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Gln Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro

705 710 715 720

Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 45

<211> 730

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<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 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 Met Leu Pro

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 Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Ser Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asn 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 Arg 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 Arg 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 Glu 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 Pro Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Ser

435 440 445

Thr Gly Thr Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Ala

450 455 460

Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Ile Ser Lys Thr Thr Asp Asn Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu

500 505 510

Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Ser Val

515 520 525

Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ser

530 535 540

Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Pro Met Thr Asp Glu Glu Glu Ile

545 550 555 560

Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser

565 570 575

Asn Ile Gln Ser Gln Asn Ser Asn Pro Thr Thr Gln Thr Val Asn Asn

580 585 590

Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu

595 600 605

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe

645 650 655

Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Asn Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asp Lys Gln Thr Gly

690 695 700

Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Gln Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro

705 710 715 720

Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 46

<211> 730

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 46

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ser Gly Leu Asp Lys Gly Glu 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 Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Asn Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asp 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 Arg 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 Glu 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 Ser
435 440 445
Thr Gly Thr Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Ala
450 455 460
Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg

465 470 475 480
Gln Gln Arg Ile Ser Lys Thr Thr Asp Asn Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495
Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu
500 505 510
Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Ser Val
515 520 525
Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ser

530 535 540
Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Asp Glu Glu Glu Ile
545 550 555 560
Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser

565 570 575

Asn Ile Gln Ser Gln Asn Ser Asn Pro Thr Thr Gln Thr Val Asn Asn

580 585 590

Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Arg Asn Arg Asp Val Tyr Leu

595 600 605

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe

645 650 655

Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asp Lys Gln Thr Gly

690 695 700

Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Gln Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro

705 710 715 720

Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 47

<211> 730

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<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 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 Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Asn 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 Arg 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 Glu 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 Met Ala Arg Thr Gln Ser Ser

435 440 445

Thr Gly Thr Ser Thr Arg Glu Pro Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Ala

450 455 460

Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Ile Ser Lys Thr Thr Asp Asn Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu

500 505 510

Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Ser Val

515 520 525

Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ser

530 535 540

Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Asp Glu Glu Glu Ile
545 550 555 560
Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser

565 570 575
Asn Ile Gln Ser Gln Asn Ser Asn Pro Thr Thr Gln Thr Val Asn Asn
580 585 590
Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu
595 600 605
Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asp Phe His
610 615 620
Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640
Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe
645 650 655
Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln
660 665 670
Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg
675 680 685
Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asp Lys Gln Thr Gly

690 695 700
Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Gln Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro
705 710 715 720
Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 48
<211> 730
<212> PRT
<213> Macaca fascicularis
<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 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 Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Asn 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 Gly 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 Arg 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 Val Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Glu 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 Ser

435 440 445

Thr Gly Thr Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Ala

450 455 460

Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Ile Ser Lys Thr Ser Asp Asn Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu

500 505 510

Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Ser Val

515 520 525

Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ser

530 535 540

Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Asp Glu Glu Glu Ile

545 550 555 560

Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser

565 570 575

Asn Ile Gln Ser Gln Asn Ser Asn Pro Thr Thr Gln Thr Val Asn Asn

580 585 590

Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu

595 600 605

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe

645 650 655

Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asp Lys Gln Thr Gly

690 695 700

Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Gln Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro

705 710 715 720

Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 49

<211> 730

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 49

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg 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 Glu Arg
130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Asn Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asp 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 Arg 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 Glu 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 Ser

435 440 445

Thr Gly Thr Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Ala

450 455 460

Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Ile Ser Lys Thr Thr Asp Asn Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu

500 505 510

Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Ser Val

515 520 525

Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Leu Gly Lys Thr Gly Ala Ser

530 535 540

Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Asp Glu Glu Glu Ile

545 550 555 560

Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser

565 570 575

Asn Ile Gln Ser Gln Asn Ser Asn Pro Thr Thr Gln Thr Val Asn Asn

580 585 590

Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu

595 600 605

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe

645 650 655

Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asp Lys Gln Thr Gly

690 695 700

Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Gln Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro

705 710 715 720

Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 50

<211> 730

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<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 Ala Pro Arg Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
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 Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Asn 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 Arg 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 Arg Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Glu 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 Ser

435 440 445

Thr Gly Thr Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Ala

450 455 460

Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Ile Ser Lys Thr Thr Asp Asn Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu

500 505 510

Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Thr His Arg Asp Asp Glu Ser Val

515 520 525

Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ser

530 535 540

Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Asp Glu Glu Glu Ile

545 550 555 560

Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser

565 570 575

Asn Ile Gln Ser Gln Asn Ser Asn Pro Thr Thr Gln Thr Val Asn Asn

580 585 590

Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu

595 600 605

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Thr Phe

645 650 655

Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asp Lys Gln Thr Gly

690 695 700

Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Gln Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro
705 710 715 720
Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 51
<211> 736
<212> PRT
<213> Callithrix jacchus
<400> 51
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
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 Arg 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 Pro 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 Pro Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Arg 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 Asp 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 Leu 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> 52
<211> 736
<212> PRT
<213> Callithrix jacchus
<400> 52
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly 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 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 Arg 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 Ser
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> 53
<211> 716
<212> PRT
<213> Sus scrofa
<400> 53
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu
145 150 155 160
Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175
Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu
180 185 190
Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp
195 200 205
Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser
210 215 220
Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240
Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly
245 250 255
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His
260 265 270
Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe
275 280 285
Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300
Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
305 310 315 320
Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile
325 330 335
Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe
340 345 350
Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asp Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 54

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 54

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Ala Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160
Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala
165 170 175
Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu
180 185 190
Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp
195 200 205
Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220
Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu
225 230 235 240
Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly
245 250 255
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His
260 265 270
Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285
Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
290 295 300
Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
305 310 315 320
Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile
325 330 335
Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Gly Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 55

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 55

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Phe Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140
Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu
145 150 155 160
Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala
165 170 175
Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu
180 185 190
Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205
Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser
210 215 220
Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu
225 230 235 240
Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly
245 250 255
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270
Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe
275 280 285
Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
290 295 300
Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
305 310 315 320
Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Gly

385 390 395 400

Glu Val Pro Leu His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln His Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Pro Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Thr Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 56

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 56

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu
145 150 155 160
Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala
165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu
180 185 190
Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp
195 200 205
Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser
210 215 220
Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu
225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly
245 250 255
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His
260 265 270
Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe
275 280 285
Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr
565 570 575
Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp
580 585 590
Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala
595 600 605
His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr
625 630 635 640
Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
645 650 655
Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser
660 665 670
Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro
675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr
690 695 700
Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
705 710 715
<210> 57
<211> 716
<212> PRT
<213> Sus scrofa
<400> 57
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gly Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asp 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Gly Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
305 310 315 320
Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile
325 330 335
Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe
340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp
355 360 365
Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
370 375 380
Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Leu Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu
385 390 395 400
Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys
405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr
420 425 430
Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr
435 440 445
Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln
450 455 460
Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn
465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val
485 490 495
Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys
500 505 510
Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro
515 520 525
Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu
530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 58

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 58

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Lys Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Gly 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu
145 150 155 160
Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala
165 170 175
Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu
180 185 190
Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp
195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser
210 215 220
Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu
225 230 235 240
Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly
245 250 255
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His
260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe
275 280 285
Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Ala

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln
545 550 555 560
Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr
565 570 575
Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp
580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala
595 600 605
His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
610 615 620
Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr
625 630 635 640
Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Leu Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser
660 665 670
Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro
675 680 685
Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr
690 695 700
Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
705 710 715
<210> 59
<
211> 716
<212> PRT
<213> Sus scrofa
<400> 59
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Ala Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 60

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 60

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln Ala Gly Asp Asp 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Arg Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 61

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 61

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Gly Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Gly Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro
515 520 525
Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540
Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln
545 550 555 560
Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr
565 570 575
Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp
580 585 590
Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605
His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
610 615 620
Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr
625 630 635 640
Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
645 650 655
Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670
Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro
675 680 685
Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr
690 695 700
Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
705 710 715
<210> 62
<211> 716
<212> PRT
<213> Sus scrofa
<400> 62

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Arg Asp Asn 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 Val Asp Glu Val Ala Arg Glu Arg Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Leu Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 63

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 63

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu
145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala
165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu
180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp
195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser
210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly
245 250 255
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His
260 265 270
Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe
275 280 285
Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
305 310 315 320
Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile
325 330 335
Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe
340 345 350
Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp
355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
370 375 380
Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu
385 390 395 400
Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys
405 410 415
Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr
420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr
435 440 445
Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln
450 455 460
Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn
465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val
485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys
500 505 510
Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro
515 520 525
Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu
530 535 540
Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln
545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr
565 570 575
Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp
580 585 590
Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala
595 600 605
His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr
625 630 635 640
Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
645 650 655
Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser
660 665 670
Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro
675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Cys Arg Thr Thr
690 695 700
Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
705 710 715
<210> 64

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 64

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu
145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala
165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu
180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp
195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu
225 230 235 240
Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly
245 250 255
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His
260 265 270
Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asp Asn Tyr Trp Gly Phe
275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
290 295 300
Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
305 310 315 320
Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile
325 330 335
Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe
340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp
355 360 365
Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
370 375 380
Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu
385 390 395 400
Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys
405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr
420 425 430
Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr
435 440 445
Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln
450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn
465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val
485 490 495
Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys
500 505 510
Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Val Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro
515 520 525
Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu
530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asn Thr Gly Gly Gln
545 550 555 560
Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr
565 570 575
Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp
580 585 590
Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala
595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
610 615 620
Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr
625 630 635 640
Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
645 650 655
Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser
660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro
675 680 685
Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr
690 695 700
Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 65

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 65

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Arg Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Gly 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu
145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala
165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu
180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser
210 215 220
Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu
225 230 235 240
Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly
245 250 255
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His
260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Leu
275 280 285
Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
290 295 300
Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
305 310 315 320
Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile
325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe
340 345 350
Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp
355 360 365
Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
370 375 380
Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu
385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys
405 410 415
Leu Ala Asn Pro Leu Ala Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr
420 425 430
Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr
435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln
450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn
465 470 475 480
Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val
485 490 495
Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys
500 505 510
Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Ser Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro
515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Arg Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu
530 535 540
Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln
545 550 555 560
Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr
565 570 575
Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp
580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala
595 600 605
His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
610 615 620
Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr
625 630 635 640
Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser
660 665 670
Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro
675 680 685
Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 66

<

211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 66

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Gly Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Gly

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Val Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 67

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 67

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala His Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 68

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 68

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Arg Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Gly Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 69

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 69

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Glu Pro Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Gly Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Pro Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Leu Pro Ser

370 375 380

Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu

385 390 395 400

Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys

405 410 415

Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr

420 425 430

Asp Thr Ser Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr

435 440 445

Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln

450 455 460

Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn

465 470 475 480

Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val

485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys

500 505 510

Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro

515 520 525

Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asn Thr Gly Gly Gln

545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr

565 570 575

Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp

580 585 590

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala

595 600 605

His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr

625 630 635 640

Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr

645 650 655

Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser

660 665 670

Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro

675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr

690 695 700

Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

705 710 715

<210> 70

<211> 716

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 70

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Ile Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Lys Glu Phe Leu Gly Leu Lys Pro Gly Pro Leu Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn 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 Gln 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 Pro Ala Lys Thr Ala Ala Lys Gly Glu Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Tyr Pro Lys Lys Lys Lys Ala Arg Val Glu Glu Thr Glu

145 150 155 160

Ala Gly Thr Ser Gly Gly Gln Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala

165 170 175

Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr Met Ser Ala Gly Gly Gly Ser Pro Leu

180 185 190

Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp

195 200 205

Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr Lys Ser

210 215 220

Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Glu

225 230 235 240

Ile His Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly

245 250 255

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His

260 265 270

Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Tyr Trp Gly Phe

275 280 285

Arg Pro Arg Ser Leu Lys Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

290 295 300

Val Thr Val Gln Asp Ala Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

305 310 315 320

Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile

325 330 335

Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe

340 345 350

Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asn Asn Thr Asp

355 360 365

Asp Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
370 375 380
Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu
385 390 395 400
Glu Val Pro Phe His Cys Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys
405 410 415
Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr
420 425 430

Asp Thr Pro Gly Asn Ile Gln Phe Gln Lys Asn Leu Lys Ala Arg Tyr
435 440 445
Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe Pro Gly Pro Met Cys Arg Thr Gln
450 455 460
Gly Trp Tyr Thr Gly Ser Gly Thr Tyr Asn Arg Ser Gly Val Thr Asn
465 470 475 480
Phe Ala Thr Ser Asn Arg Met Asp Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Ala
485 490 495

Asn Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn Thr Leu Gln Asp Ser Asn Lys
500 505 510
Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe Asn Ser Gln Asn Ala Glu Pro
515 520 525
Gly Thr Thr Ser Leu Tyr Gln Glu Asn Asn Leu Leu Ile Thr Ser Glu
530 535 540
Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val Ala Tyr Asp Thr Gly Gly Gln
545 550 555 560

Met Ala Thr Asn Ala Gln Ser Thr Asn Leu Ala Pro Thr Val Gly Thr
565 570 575
Tyr Asn His Gln Glu Met Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Asp Arg Asp
580 585 590
Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala
595 600 605
His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

610 615 620

Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ser Asn Val Thr
625 630 635 640
Ala Phe Ser Glu Ile Pro Val Lys Ser Leu Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
645 650 655
Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser
660 665 670
Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asn Pro
675 680 685

Glu Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr
690 695 700
Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
705 710 715
<210> 71
<211> 736
<212> PRT
<213> Macaca mulatta
<400> 71
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Ala Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Ile Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly

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 Thr 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> 72
<211> 736
<212> PRT
<213> Macaca mulatta
<400> 72
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Ile Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 Pro

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

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 Ser 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 Thr 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 Leu 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> 73

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca mulatta

<400> 73

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Ile Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
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 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 Thr 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> 74
<211> 736
<212> PRT
<213> Macaca mulatta
<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 Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Ile Phe Gln Ala Lys Arg Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 Ser Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Cys 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 Gly 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 Thr 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 Pro 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> 75

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca mulatta

<400> 75

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Phe Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Ile Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

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 Arg 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 Pro Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Ala Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His 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 Thr 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 Gln 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> 76

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca mulatta

<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 Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Ile Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

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 Ser Gly Gln 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 Tyr 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 Ser 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 Thr 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> 77

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca mulatta

<400> 77

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Ser Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Val 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 Tyr 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 Thr 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> 78

<211> 736

<212> PRT

<213> Macaca mulatta

<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 Ser Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Val 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 Tyr 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 Thr 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> 79

<211> 737

<212> PRT

<213> Macaca cyclopis

<400> 79

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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 Ser Leu Gly Leu 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 Arg Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
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 Lys 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

Ser 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Val Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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 Glu 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 Asp Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu His Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 80
<211> 737
<212> PRT
<213> Macaca cyclopis
<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 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 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 Ser Leu Gly Leu 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 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 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 Pro 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Val Leu Met Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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 Pro 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> 81

<211> 737

<212> PRT

<213> Macaca cyclopis

<400> 81

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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
Pro 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 Ser Leu Gly Leu 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 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 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 Phe 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Val Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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 Arg 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> 82
<211> 737
<212> PRT
<213> Macaca cyclopis
<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 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 Glu 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 Ser Leu Gly Leu 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 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 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 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Ala Val Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Thr 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 Ser

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> 83

<211> 737

<212> PRT

<213> Macaca cyclopis

<400> 83

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Pro Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 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 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 Ser Leu Gly Leu 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 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

Ser His 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 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 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Val Leu Met Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met
545 550 555 560
Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Arg 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

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 84

<211> 737

<212> PRT

<213> Macaca cyclopis

<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 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 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 Ser Leu Gly Leu 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 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 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 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Leu Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Val 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
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735
Leu

<210> 85
<211> 737
<212> PRT
<213> Macaca cyclopis
<400> 85
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Arg Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
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 Ser Leu Gly Leu 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 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 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 Arg 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Val Leu Met Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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 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> 86

<211> 737

<212> PRT

<213> Macaca cyclopis

<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 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 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 Ser Leu Gly Leu 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 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 Ser Phe Lys Leu Phe Asp 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 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Val Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 87
<211> 737
<212> PRT
<213> Macaca cyclopis
<400> 87
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 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 Ser Leu Gly Leu 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 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 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 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Ala Val Leu Met Phe
530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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 Ser

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> 88

<211> 737

<212> PRT

<213> Macaca cyclopis

<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 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 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 Ser Leu Gly Leu 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 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 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 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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Met 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 Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Tyr Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 89
<211> 737

<212> PRT

<213> Macaca cyclopis

<400> 89

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Gly Pro
50 55 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 Arg Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

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 Ser Leu Gly Leu 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 Ser Thr Asn Asp Ser
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Ser His 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 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 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 Ser Phe Ser Tyr Ile
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 Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Met 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 Gly 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 Val Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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

Leu Lys Glu Ser 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> 90
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 90
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
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 Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe
450 455 460
Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile
465 470 475 480
Pro Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln

485 490 495
Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His
515 520 525
Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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
Ser Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala
580 585 590
Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile 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 Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp 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> 91

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 91

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Asp Asn Asn Gly Val 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

Asp 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 Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe

450 455 460

Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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 Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala

580 585 590

Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile 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 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
Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 92
<211> 731
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 92
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp 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 Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Asn 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 Arg 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 Glu 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 Lys Thr Ile Asn Gly
435 440 445
Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser
450 455 460
Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro Ser Tyr Arg

465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe
485 490 495
Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu
500 505 510
Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly Glu Asp Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly

530 535 540
Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn Glu Glu Glu
545 550 555 560
Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly Gln Val Ala
565 570 575
Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln
580 585 590
Asn Gln Gly Ile 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 Asn Pro Pro Glu Thr

645 650 655

Phe Thr Pro Ala Lys Phe 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 Asp Lys Gln Thr

690 695 700

Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Thr Gln 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> 93

<211> 732

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 93

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ala Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile 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 Asn 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 Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn His 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 Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

305 310 315 320

Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

325 330 335

Thr Val Gln Val Phe Ser 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 Asp 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 Glu 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 Ala Arg Thr Ile Asn

435 440 445

Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro

450 455 460

Ser Asn Met Ala Val Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe

465 470 475 480

Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu

485 490 495

Phe Ala Trp Pro Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser

500 505 510

Leu Thr Asn Pro Gly Val Pro Met Ala Ser His Lys Glu Gly Glu Asp

515 520 525

Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Val Phe Gly Lys Gln Gly Thr

530 535 540

Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Leu Met Thr Asp Glu Glu

545 550 555 560

Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val

565 570 575

Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val
580 585 590
Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val
595 600 605
Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn
610 615 620
Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro

625 630 635 640
Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu
645 650 655
Thr Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
660 665 670
Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser
675 680 685
Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser

690 695 700
Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro
705 710 715 720
Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730
<210> 94
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 94
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp 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 Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Lys Leu Arg 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 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
Asp 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
Ser 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 Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe
450 455 460

Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His
515 520 525

Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Leu Met

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile 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

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

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr 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

Phe 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> 95

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 95

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile 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 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

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

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr 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

Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln 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> 96

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 96

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu 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 Ser Thr Ser Gly Gly Ser 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 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 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 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 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 Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys 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 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
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Met 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 Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr 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 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 Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu 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> 97

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 97

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

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 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 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 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 Leu

725 730 735

<210> 98

<211> 724

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 98

Met Ser Phe Phe Asp Trp Leu Gly Lys Gln Tyr Ala Gln Gly Ala Ala

1 5 10 15

Glu Phe Trp Asp Leu Lys Ser Gly Pro Pro Ala Pro Lys Lys Ala Arg

20 25 30

Lys Asp Gly Ser Ala Gly Phe Asn Phe Pro Gly His Lys Tyr Leu Gly

35 40 45

Pro Gly Asn Ser Leu Asp Arg Gly Asp Pro Val Asp Ala Asp Asp Ala

50 55 60

Ala Ala Gln Lys His Asp Gln Ser Tyr Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gly

65 70 75 80

Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp Arg Glu Phe Gln Glu

85 90 95

Ala Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Glu Gly Asn Leu Ala Arg Gly Leu

100 105 110

Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val Ala Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Pro

115 120 125

Glu Leu Ala Pro Pro Ser Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Ser Ser Gln

130 135 140

Glu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Gln Asp Lys Arg Pro Asn Leu Asp Val

145 150 155 160

Asp Glu Glu Asp Arg Glu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Glu Thr

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Asn Leu Gly Pro Gly Thr Met Ala Gly

180 185 190

Gly Gly Ser Ala Pro Ile Asp Asp Gly Ser Tyr Gly Ala Asp Gly Val

195 200 205

Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Asp Asn

210 215 220

Cys Val Ile Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Asn Leu Pro Thr Tyr Asn

225 230 235 240

Asn His Ile Tyr Lys Arg Leu Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp

245 250 255

Asn His Ser Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe

260 265 270

Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile

275 280 285

Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Leu Arg Phe Lys Ile Phe

290 295 300

Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile

305 310 315 320

Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Thr Glu Tyr

325 330 335

Gln Leu Pro Tyr Val Ile Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro

340 345 350

Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Thr Leu

355 360 365

Asn Asn Gly Ser Gln Pro Thr Pro Arg Ser Ala Phe Tyr Cys Leu Glu

370 375 380

Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr

385 390 395 400

Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Trp Ala His Asn Gln

405 410 415

Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr

420 425 430

Leu Asp Val Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Phe
435 440 445
Thr Tyr Gln Lys Gly Val His Thr Asn Leu Pro Glu Gln Glu Arg Asn
450 455 460
Trp Leu Pro Gly Pro Gly Ile Arg Asn Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser
465 470 475 480
Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Gln Tyr Ser Asn Lys Tyr
485 490 495

Val Leu Glu Asn Gly Arg Ala Ser Lys Ile Ala Pro Gly Pro Ala Met
500 505 510
Ala Ser His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val
515 520 525
Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu
530 535 540
Lys Val Met Ile Thr Arg Glu Thr Glu Ile Asn Ser Thr Asn Pro Leu
545 550 555 560

Ala Gly Gly Ser Leu Gly Ala Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn
565 570 575
Arg Gln Ala Ala Leu Asp His Thr Asn Val Met Gly Val Phe Pro Gly
580 585 590
Ser Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Gln 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 Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr
625 630 635 640
Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Glu Phe Asn Ala Asn Lys Ile 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 Gln Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val His Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Asp Val Gly Asn Tyr Lys Glu Phe Arg Ser Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 99
<211> 723
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 99
Met Ser Phe Phe Asp Trp Leu Gly Lys Gln Tyr Ala Gln Gly Ala Ala
1 5 10 15

Glu Phe Trp Asp Leu Lys Ser Gly Pro Pro Ala Pro Lys Lys Ala Arg
20 25 30
Lys Asp Gly Ser Ala Gly Phe Asn Phe Pro Gly His Lys Tyr Leu Gly
35 40 45
Pro Gly Asn Ser Leu Asp Arg Gly Asp Pro Val Asp Ala Asp Asp Ala
50 55 60
Ala Ala Gln Lys His Asp Gln Ser Tyr Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gly
65 70 75 80

Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp Arg Glu Phe Gln Glu
85 90 95
Ala Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Glu Gly Asn Leu Ala Arg Gly Leu
100 105 110
Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val Ala Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Pro
115 120 125
Glu Leu Ala Pro Pro Ser Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Ser Ser Gln
130 135 140

Glu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Gln Asp Lys Arg Pro Asn Leu Asp Val

145 150 155 160

Asp Glu Glu Asp Arg Glu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Glu Thr

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Asn Leu Gly Pro Gly Thr Met Ala Gly

180 185 190

Gly Gly Ser Ala Pro Ile Asp Asp Gly Ser Tyr Gly Ala Asp Gly Val

195 200 205

Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Asp Asn

210 215 220

Cys Val Ile Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Asn Leu Pro Thr Tyr Asn

225 230 235 240

Asn His Ile Tyr Lys Arg Leu Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp

245 250 255

Asn His Ser Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe

260 265 270

Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile

275 280 285

Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Leu Arg Phe Lys Ile Phe

290 295 300

Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile

305 310 315 320

Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Thr Glu Tyr

325 330 335

Gln Leu Pro Tyr Val Ile Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro

340 345 350

Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Thr Leu

355 360 365

Asn Asn Gly Ser Gln Pro Thr Pro Arg Ser Ala Phe Tyr Cys Leu Glu

370 375 380

Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr

385 390 395 400

Tyr Asn Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln
405 410 415
Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr
420 425 430
Leu Ser Arg Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu
435 440 445
Gln Phe Ser Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn
450 455 460

Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser
465 470 475 480
Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr
485 490 495
His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala
500 505 510
Ser His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu
515 520 525

Ile Phe Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys
530 535 540
Val Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala
545 550 555 560
Thr Glu Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg
565 570 575
Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Phe Pro Gly Ser
580 585 590

Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Gln Ile Trp Ala Lys
595 600 605
Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly
610 615 620
Phe Gly Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro
625 630 635 640
Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Glu Phe Asn Ala Asn Lys Ile 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 Gln Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr
675 680 685
Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val His Phe Ala Pro Asp Asp
690 695 700
Val Gly Asn Tyr Lys Glu Phe Arg Ser Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 100
<211> 723
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 100
Met Ser Phe Phe Asp Trp Leu Gly Lys Gln Tyr Ala Gln Gly Ala Ala
1 5 10 15
Glu Phe Trp Asp Leu Lys Ser Gly Pro Pro Ala Pro Lys Lys Ala Arg
20 25 30
Lys Asp Gly Ser Ala Gly Phe Asn Phe Pro Gly His Lys Tyr Leu Gly
35 40 45
Pro Gly Asn Ser Leu Asp Arg Gly Asp Pro Val Asp Ala Asp Asp Ala

50 55 60
Ala Ala Gln Lys His Asp Gln Ser Tyr Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gly
65 70 75 80
Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp Arg Glu Phe Gln Glu
85 90 95
Ala Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Glu Gly Asn Leu Ala Arg Gly Leu
100 105 110
Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val Ala Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Pro

115 120 125

Glu Leu Ala Pro Pro Ser Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Ser Ser Gln

130 135 140

Glu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Gln Asp Lys Arg Pro Asn Leu Asp Val

145 150 155 160

Asp Glu Glu Asp Arg Glu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Glu Thr

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Asn Leu Gly Pro Gly Thr Met Ala Gly

180 185 190

Gly Gly Ser Ala Pro Ile Asp Asp Gly Ser Tyr Gly Ala Asp Gly Val

195 200 205

Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Asp Asn

210 215 220

Cys Val Ile Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Asn Leu Pro Thr Tyr Asn

225 230 235 240

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser

245 250 255

Asn Asp Asn Ala Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp

260 265 270

Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu

275 280 285

Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Leu Arg Phe Lys Ile

290 295 300

Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Ile

305 310 315 320

Ile Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Thr Glu

325 330 335

Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro

340 345 350

Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr

355 360 365

Leu Asn Asp Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu

370 375 380

Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe

385 390 395 400

Thr Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Trp Ala His Asn

405 410 415

Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr

420 425 430

Tyr Leu Ser Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu

435 440 445

Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn

450 455 460

Trp Leu Pro Gly Pro Gly Ile Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val

465 470 475 480

Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp

485 490 495

Ala Leu Asn Gly Arg Ala Ser Lys Ile Ala Pro Gly Pro Ala Met Ala

500 505 510

Ser His Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu

515 520 525

Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys

530 535 540

Val Asn Ile Thr Arg Glu Thr Glu Ile Asn Ser Thr Asn Pro Leu Ala

545 550 555 560

Gly Gly Ser Leu Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala

565 570 575

Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Val Phe Pro Gly Ser

580 585 590

Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Gln Ile Trp Ala Lys

595 600 605

Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

610 615 620

Phe Gly Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

625 630 635 640

Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Glu Phe Asn Ala Asn Lys Ile 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 Gln Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

675 680 685

Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr

690 695 700

Glu Gly Val Tyr Lys Glu Phe Arg Ser Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 101

<211> 723

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 101

Met Ser Phe Phe Asp Trp Leu Gly Lys Gln Tyr Ala Gln Gly Ala Ala

1 5 10 15

Glu Phe Trp Asp Leu Lys Ser Gly Pro Pro Ala Pro Lys Lys Ala Arg

20 25 30

Lys Asp Gly Ser Ala Gly Phe Asn Phe Pro Gly His Lys Tyr Leu Gly

35 40 45

Pro Gly Asn Ser Leu Asp Arg Gly Asp Pro Val Asp Ala Asp Asp Ala

50 55 60

Ala Ala Gln Lys His Asp Gln Ser Tyr Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gly

65 70 75 80

Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp Arg Glu Phe Gln Glu

85 90 95

Ala Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Glu Gly Asn Leu Ala Arg Gly Leu
100 105 110
Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val Ala Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Pro
115 120 125
Glu Leu Ala Pro Pro Ser Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Ser Ser Gln
130 135 140
Glu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Gln Asp Lys Arg Pro Asn Leu Asp Val
145 150 155 160

Asp Glu Glu Asp Arg Glu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Glu Thr
165 170 175
Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Asn Leu Gly Pro Gly Thr Met Ala Gly
180 185 190
Gly Gly Ser Ala Pro Ile Asp Asp Gly Ser Tyr Gly Ala Asp Gly Val
195 200 205
Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Asp Asn
210 215 220

Cys Val Ile Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Asn Leu Pro Thr Tyr Asn
225 230 235 240
Asn His Ile Tyr Lys Arg Leu Asn Gly Thr Thr Ser Gly Asp Gln Ser
245 250 255
Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
260 265 270
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
275 280 285

Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Leu Arg Phe Lys Ile Phe Asn Ile Gln
290 295 300
Val Lys Glu Val Thr Thr Gln Asp Ser Thr Lys Ile Ile Ser Asn Asn
305 310 315 320
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Thr Glu Tyr Gln Leu Pro
325 330 335

Tyr Val Ile Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
340 345 350

Asp Val Phe Met Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Thr Arg Gln Asp Gly
355 360 365
Asn Ser Asn Asn Pro Thr Pro Arg Ser Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
370 375 380
Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr
385 390 395 400
Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Trp Ala His Asn Gln Ser
405 410 415

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
420 425 430
Ser Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe
435 440 445
Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile
450 455 460
Pro Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln
465 470 475 480

Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu
485 490 495
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His
500 505 510
Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe
515 520 525
Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met
530 535 540

Ile Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
545 550 555 560
Ser Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala
565 570 575
Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Val Phe Pro Gly Ser Val Trp

580 585 590

Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Gln Ile Trp Ala Lys Ile Pro

595 600 605

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

610 615 620

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

625 630 635 640

Ala Asp Pro Pro Thr Glu Phe Asn Ala Asn Lys Ile 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

Gln Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Ser Asp

675 680 685

Asp Ser Ser Ser Thr Ser Gly Ser Ile Leu His Phe Ala Pro Asp Asp

690 695 700

Val Gly Asn Tyr Lys Glu Phe Arg Ser Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 102

<211> 723

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 102

Met Ser Phe Phe Asp Trp Leu Gly Lys Gln Tyr Ala Gln Gly Ala Ala

1 5 10 15

Glu Phe Trp Asp Leu Lys Ser Gly Pro Pro Ala Pro Lys Lys Ala Arg

20 25 30

Lys Asp Gly Ser Ala Gly Phe Asn Phe Pro Gly His Lys Tyr Leu Gly

35 40 45

Pro Gly Asn Ser Leu Asp Arg Gly Asp Pro Val Asp Ala Asp Asp Ala

50 55 60

Ala Ala Gln Lys His Asp Gln Ser Tyr Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gly

65 70 75 80

Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp Arg Glu Phe Gln Glu

85 90 95

Ala Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Glu Gly Asn Leu Ala Arg Gly Leu

100 105 110

Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val Ala Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Pro

115 120 125

Glu Leu Ala Pro Pro Ser Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Ser Ser Gln

130 135 140

Glu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Gln Asp Lys Arg Pro Asn Leu Asp Val

145 150 155 160

Asp Glu Glu Asp Arg Glu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Glu Thr

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Asn Leu Gly Pro Gly Thr Met Ala Gly

180 185 190

Gly Gly Ser Ala Pro Ile Asp Asp Gly Ser Tyr Gly Ala Asp Gly Val

195 200 205

Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Asp Asn

210 215 220

Cys Val Ile Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Asn Leu Pro Thr Tyr Asn

225 230 235 240

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser

245 250 255

Asn Asp Asn Ala Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp

260 265 270

Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu

275 280 285

Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Leu Arg Phe Lys Ile

290 295 300

Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Ile

305 310 315 320

Ile Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Thr Glu

325 330 335

Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro

340 345 350

Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr

355 360 365

Leu Asn Asp Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu

370 375 380

Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe

385 390 395 400

Thr Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Trp Ala His Asn

405 410 415

Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr

420 425 430

Tyr Leu Ser Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu

435 440 445

Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn

450 455 460

Tyr Ile Pro Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val

465 470 475 480

Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp

485 490 495

Ala Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala

500 505 510

Ser His Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu

515 520 525

Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys

530 535 540

Val Met Ile Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala

545 550 555 560

Thr Glu Ser Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala

565 570 575

Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Val Phe Pro Gly Ser

580 585 590

Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Gln Ile Trp Ala Lys

595 600 605

Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly

610 615 620

Phe Gly Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro

625 630 635 640

Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Glu Phe Asn Ala Asn Lys Ile 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 Gln Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

675 680 685

Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr

690 695 700

Glu Gly Val Tyr Lys Glu Phe Arg Ser Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 103

<211> 724

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 103

Met Ser Phe Phe Asp Trp Leu Gly Lys Gln Tyr Ala Gln Gly Ala Ala

1 5 10 15

Glu Phe Trp Asp Leu Lys Ser Gly Pro Pro Ala Pro Lys Lys Ala Arg

20 25 30

Lys Asp Gly Ser Ala Gly Phe Asn Phe Pro Gly His Lys Tyr Leu Gly

35 40 45

Pro Gly Asn Ser Leu Asp Arg Gly Asp Pro Val Asp Ala Asp Asp Ala
50 55 60
Ala Ala Gln Lys His Asp Gln Ser Tyr Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gly
65 70 75 80
Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp Arg Glu Phe Gln Glu
85 90 95
Ala Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Glu Gly Asn Leu Ala Arg Gly Leu
100 105 110

Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val Ala Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Pro
115 120 125
Glu Leu Ala Pro Pro Ser Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Ser Ser Gln
130 135 140
Glu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Gln Asp Lys Arg Pro Asn Leu Asp Val
145 150 155 160
Asp Glu Glu Asp Arg Glu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Glu Thr
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Asn Leu Gly Pro Gly Thr Met Ala Gly
180 185 190
Gly Gly Ser Ala Pro Ile Asp Asp Gly Ser Tyr Gly Ala Asp Gly Val
195 200 205
Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Asp Asn
210 215 220
Cys Val Ile Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Asn Leu Pro Thr Tyr Asn
225 230 235 240

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr
245 250 255
Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp
260 265 270
Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu
275 280 285

Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Leu Arg Phe Lys Ile
290 295 300

Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Ile
305 310 315 320
Ile Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Thr Glu
325 330 335
Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro
340 345 350
Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr
355 360 365

Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu
370 375 380
Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe
385 390 395 400
Thr Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Trp Ala His Asn
405 410 415
Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr
420 425 430

Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr
435 440 445
Leu Gly Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys
450 455 460
Asn Trp Leu Pro Gly Pro Gly Ile Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr
465 470 475 480
Thr Gly Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys
485 490 495

Tyr His Leu Asn Gly Arg Ala Ser Lys Ile Ala Pro Gly Pro Ala Met
500 505 510
Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile
515 520 525
Leu Ile Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser

530 535 540

Asp Val Asn Ile Thr Arg Glu Thr Glu Ile Asn Ser Thr Asn Pro Leu

545 550 555 560

Ala Gly Gly Ser Leu Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn

565 570 575

Thr Ala Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Val Phe Pro Gly

580 585 590

Ser Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Gln 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 Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr

625 630 635 640

Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Glu Phe Asn Ala Asn Lys Ile 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 Gln Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn

690 695 700

Thr Glu Gly Val Tyr Lys Glu Phe Arg Ser Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 104

<211> 724

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 104

Met Ser Phe Phe Asp Trp Leu Gly Lys Gln Tyr Ala Gln Gly Ala Ala

1 5 10 15

Glu Phe Trp Asp Leu Lys Ser Gly Pro Pro Ala Pro Lys Lys Ala Arg
20 25 30
Lys Asp Gly Ser Ala Gly Phe Asn Phe Pro Gly His Lys Tyr Leu Gly
35 40 45
Pro Gly Asn Ser Leu Asp Arg Gly Asp Pro Val Asp Ala Asp Asp Ala
50 55 60
Ala Ala Gln Lys His Asp Gln Ser Tyr Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gly
65 70 75 80

Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp Arg Glu Phe Gln Glu
85 90 95
Ala Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Glu Gly Asn Leu Ala Arg Gly Leu
100 105 110
Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val Ala Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Pro
115 120 125
Glu Leu Ala Pro Pro Ser Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Ser Ser Gln
130 135 140

Glu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Gln Asp Lys Arg Pro Asn Leu Asp Val
145 150 155 160
Asp Glu Glu Asp Arg Glu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Glu Thr
165 170 175
Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Asn Leu Gly Pro Gly Thr Met Ala Gly
180 185 190
Gly Gly Ser Ala Pro Ile Asp Asp Gly Ser Tyr Gly Ala Asp Gly Val
195 200 205

Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Asp Asn
210 215 220
Cys Val Ile Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Asn Leu Pro Thr Tyr Asn
225 230 235 240
Asn His Ile Tyr Lys Arg Leu Asn Gly Thr Thr Ser Gly Asp Gln Ser
245 250 255

Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
260 265 270

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
275 280 285
Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Leu Arg Phe Lys Ile Phe Asn Ile Gln
290 295 300
Val Lys Glu Val Thr Thr Gln Asp Ser Thr Lys Ile Ile Ser Asn Asn
305 310 315 320
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Thr Glu Tyr Gln Leu Pro
325 330 335

Tyr Val Ile Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
340 345 350
Asp Val Phe Met Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Thr Arg Gln Asp Gly
355 360 365
Asn Ser Asn Asn Pro Thr Pro Arg Ser Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
370 375 380
Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe Thr Tyr
385 390 395 400

Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Trp Ala His Asn Gln Ser
405 410 415
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
420 425 430
Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
435 440 445
Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
450 455 460

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
465 470 475 480
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His
485 490 495
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr

500 505 510

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

515 520 525

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

530 535 540

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

545 550 555 560

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

565 570 575

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Val Phe Pro Gly Ser Val

580 585 590

Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Gln Ile Trp Ala Lys Ile

595 600 605

Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

610 615 620

Gly Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

625 630 635 640

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Glu Phe Asn Ala Asn Lys Ile Ser Ser Phe

645 650 655

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp Glu

660 665 670

Leu Gln Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Ser

675 680 685

Asp Asp Ser Ser Ser Thr Ser Gly Ser Ile Leu His Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Asp Val Gly Asn Tyr Lys Glu Phe Arg Ser Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 105

<211> 724

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 105

Met Ser Phe Phe Asp Trp Leu Gly Lys Gln Tyr Ala Gln Gly Ala Ala
1 5 10 15

Glu Phe Trp Asp Leu Lys Ser Gly Pro Pro Ala Pro Lys Lys Ala Arg
20 25 30

Lys Asp Gly Ser Ala Gly Phe Asn Phe Pro Gly His Lys Tyr Leu Gly
35 40 45

Pro Gly Asn Ser Leu Asp Arg Gly Asp Pro Val Asp Ala Asp Asp Ala
50 55 60

Ala Ala Gln Lys His Asp Gln Ser Tyr Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gly
65 70 75 80

Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp Arg Glu Phe Gln Glu
85 90 95

Ala Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Glu Gly Asn Leu Ala Arg Gly Leu
100 105 110

Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val Ala Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Pro
115 120 125

Glu Leu Ala Pro Pro Ser Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Ser Ser Gln
130 135 140

Glu Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Gln Asp Lys Arg Pro Asn Leu Asp Val
145 150 155 160

Asp Glu Glu Asp Arg Glu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Glu Thr
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Pro Thr Gly Asn Leu Gly Pro Gly Thr Met Ala Gly
180 185 190

Gly Gly Ser Ala Pro Ile Asp Asp Gly Ser Tyr Gly Ala Asp Gly Val
195 200 205

Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Asp Asn
210 215 220

Cys Val Ile Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Asn Leu Pro Thr Tyr Asn

225 230 235 240

Asn His Ile Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr
245 250 255
Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp
260 265 270
Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu
275 280 285
Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Leu Arg Phe Lys Ile
290 295 300

Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Ile
305 310 315 320
Ile Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Thr Glu
325 330 335
Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Ile Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro
340 345 350
Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr
355 360 365

Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu
370 375 380
Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Glu Phe
385 390 395 400
Thr Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Trp Ala His Asn
405 410 415
Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr
420 425 430

Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr
435 440 445
Leu Gly Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys
450 455 460
Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr
465 470 475 480

Thr Gly Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys
485 490 495

Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met
500 505 510
Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile
515 520 525
Leu Ile Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser
530 535 540
Asp Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val
545 550 555 560

Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn
565 570 575
Thr Ala Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Val Phe Pro Gly
580 585 590
Ser Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Leu Gln Gly Gln 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 Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr
625 630 635 640
Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Glu Phe Asn Ala Asn Lys Ile 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 Gln Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn
690 695 700
Thr Glu Gly Val Tyr Lys Glu Phe Arg Ser Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 106

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 106

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 Gln Ile Ser Ser
245 250 255
Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro
260 265 270

Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg
275 280 285
Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala
290 295 300
Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn
305 310 315 320
Asp Gly Thr Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile
325 330 335

Phe Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln
340 345 350
Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln
355 360 365
Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser
370 375 380
Ser 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 Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr
435 440 445

Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile
450 455 460

Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr
500 505 510
Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe
515 520 525

Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr
530 535 540
Asn Val Asp Ile Glu Lys Leu Ile Phe Thr Ser Glu Glu Glu Leu Ala
545 550 555 560
Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly Ser Val Ser Thr Asn
565 570 575
Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln
580 585 590

Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln
595 600 605
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640
Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser
645 650 655

Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670
Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp
675 680 685
Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val

690 695 700

Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725

<210> 107

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 107

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 Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr
435 440 445
Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile
450 455 460
Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn
500 505 510
Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe
515 520 525
Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr
530 535 540
Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg
545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn
565 570 575
Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln
580 585 590
Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln
595 600 605
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640
Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser
645 650 655
Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670

Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp

675 680 685

Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu

690 695 700

Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725

<210> 108

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 108

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 Gln Ile Ser Ser
245 250 255
Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Phe Ser Thr Pro
260 265 270

Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg
275 280 285
Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala
290 295 300
Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn
305 310 315 320
Asp Gly Thr Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile
325 330 335

Phe Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln
340 345 350
Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln
355 360 365
Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser
370 375 380

Ser 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 Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr
435 440 445
Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile
450 455 460

Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn
500 505 510
Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe
515 520 525

Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr
530 535 540
Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg
545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn
565 570 575
Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln
580 585 590

Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln
595 600 605
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile

625 630 635 640

Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser

645 650 655

Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670

Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp

675 680 685

Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val

690 695 700

Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725

<210> 109

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 109

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 Gln Ile Ser Asn
245 250 255
Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Phe 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 Met Arg Pro
290 295 300

Lys Ala Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val
325 330 335
Gln Ile Phe Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala
340 345 350

Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val
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 Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys 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 Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly
435 440 445
Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn
450 455 460
Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495

Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Trp Ser Ala
500 505 510
Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala
530 535 540
Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Leu Ile Phe Thr Ser Glu Glu Glu
545 550 555 560

Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly Ile Val Ala
565 570 575
Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn
580 585 590
Ser Gln Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr

595 600 605

Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr

645 650 655

Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr

690 695 700

Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg

705 710 715 720

Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 110

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 110

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 Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr
435 440 445
Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn
500 505 510
Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe
515 520 525

Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp
530 535 540
Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn

565 570 575

Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln

580 585 590

Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln

595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro

610 615 620

Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile

625 630 635 640

Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser

645 650 655

Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670

Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp

675 680 685

Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu

690 695 700

Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725

<210> 111

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 111

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 Gln Ile Ser Asn
245 250 255
Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Phe 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 Met Arg Pro
290 295 300

Lys Ala Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val
325 330 335
Gln Ile Phe Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala
340 345 350
Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val
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 Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys 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 Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly
435 440 445
Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn
450 455 460
Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495

Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu
500 505 510
Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala

530 535 540

Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr

595 600 605

Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr

645 650 655

Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr

690 695 700

Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg

705 710 715 720

Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 112

<211> 730

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 112

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn
245 250 255

Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Ala Tyr Phe Gly Phe 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 Met Arg Pro
290 295 300
Lys Ala Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val
325 330 335

Gln Ile Phe Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala
340 345 350
Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp 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 Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys 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 Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr Ile Asn Gly Ser
435 440 445
Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn
450 455 460

Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Arg Gln
465 470 475 480
Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala
485 490 495
Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg Trp Ser Ala Leu

500 505 510

Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr His Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe

515 520 525

Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg

530 535 540

Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Leu Ile Phe Thr Ser Glu Glu Glu Leu

545 550 555 560

Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly Gln Val Ala Thr

565 570 575

Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn

580 585 590

Gln Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr

595 600 605

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe

645 650 655

Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser

690 695 700

Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Ala

705 710 715 720

Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 113

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 113

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 Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln
435 440 445
Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala
450 455 460
Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg
465 470 475 480

Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro
485 490 495

Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro
500 505 510
Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro
515 520 525
Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn
530 535 540
Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His
565 570 575
Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly
580 585 590
Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser
645 650 655
Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu
690 695 700
Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725

<210> 114

<211> 730

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 114

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 Gln Ile Ser Asn
245 250 255
Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Ala Tyr Phe Gly Phe 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 Met Arg Pro
290 295 300
Lys Ala Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val
325 330 335

Gln Ile Phe Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala
340 345 350
Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp 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 Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys 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 Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr Ile Asn Gly Ser
435 440 445

Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn
450 455 460

Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro Ser Tyr Arg Gln
465 470 475 480
Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala
485 490 495
Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met
500 505 510
Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe
515 520 525

Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg
530 535 540
Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn Glu Glu Glu Ile
545 550 555 560
Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly Gln Val Ala Thr
565 570 575
Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn
580 585 590

Gln Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr
595 600 605
Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His
610 615 620
Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln
625 630 635 640
Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe
645 650 655

Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln
660 665 670
Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg
675 680 685
Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn

690 695 700

Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Ala

705 710 715 720

Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 115

<211> 730

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 115

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 Gln Ile
245 250 255
Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Ala Tyr Phe Gly
260 265 270
Phe 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 His Trp Gly Leu
290 295 300

Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320
Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val
325 330 335
Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala
340 345 350
Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp 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 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 Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr Ile Asn Gly Ser
435 440 445
Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn
450 455 460
Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met Arg Gln
465 470 475 480
Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala
485 490 495

Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg Trp Ser Asn Phe
500 505 510
Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr His Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe
515 520 525
Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg
530 535 540
Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Leu Met Phe Thr Ser Glu Asp Glu Leu
545 550 555 560

Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu Phe Gly Gln Val Ala Thr
565 570 575
Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn
580 585 590
Gln Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr
595 600 605
Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His
610 615 620

Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro Gln
625 630 635 640
Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe
645 650 655
Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn

690 695 700

Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Lys Glu Pro Arg Ala

705 710 715 720

Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 116

<211> 730

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 116

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 Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr Ile Asn Gly Ser
435 440 445
Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn
450 455 460

Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro Ser Tyr Arg Gln
465 470 475 480
Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala
485 490 495
Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met
500 505 510
Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe
515 520 525

Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg
530 535 540
Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn Glu Glu Glu Ile
545 550 555 560
Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly Gln Val Ala Thr
565 570 575
Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn
580 585 590

Gln Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr
595 600 605
Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His
610 615 620
Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe

645 650 655

Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Ala Gln Asp Ser

690 695 700

Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala Tyr Lys Glu Pro Arg Ala

705 710 715 720

Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 117

<211> 730

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 117

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 Gln Ile
245 250 255
Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Ala Tyr Phe Gly
260 265 270
Phe 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 His Trp Gly Leu
290 295 300

Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320
Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val
325 330 335
Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala
340 345 350

Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp 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 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 Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr Ile Asn Gly Ser
435 440 445
Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn
450 455 460
Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro Ser Tyr Arg Gln
465 470 475 480
Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala
485 490 495

Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met
500 505 510
Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe
515 520 525
Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg
530 535 540
Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn Glu Glu Glu Ile
545 550 555 560

Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly Gln Val Ala Thr
565 570 575
Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn
580 585 590
Gln Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr

595 600 605

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His

610 615 620

Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro Gln

625 630 635 640

Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe

645 650 655

Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

660 665 670

Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg

675 680 685

Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn

690 695 700

Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Lys Glu Pro Arg Ala

705 710 715 720

Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 118

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 118

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 Gln Ile
245 250 255
Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
260 265 270

Phe 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 His Trp Gly Leu
290 295 300
Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320

Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val
325 330 335

Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala
340 345 350
Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val
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 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 Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly
435 440 445
Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn
450 455 460

Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495
Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Trp Ser Asn
500 505 510
Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525

Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala
530 535 540
Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Leu Met Phe Thr Ser Glu Asp Glu
545 550 555 560
Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu Phe Gly Ile Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr

595 600 605

Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr

645 650 655

Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr

690 695 700

Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Lys Glu Pro Arg

705 710 715 720

Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 119

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 119

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 Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly
435 440 445
Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn
450 455 460
Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495

Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu
500 505 510
Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala

530 535 540

Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr

595 600 605

Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr

645 650 655

Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Ala Gln Asp

690 695 700

Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala Tyr Lys Glu Pro Arg

705 710 715 720

Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 120

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 120

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 Gln Ile
245 250 255

Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
260 265 270

Phe 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 His Trp Gly Leu
290 295 300
Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320
Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val
325 330 335

Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala
340 345 350
Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val
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 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 Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly
435 440 445
Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn
450 455 460

Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495
Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu

500 505 510

Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg

515 520 525

Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala

530 535 540

Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr

595 600 605

Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr

645 650 655

Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr

690 695 700

Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Lys Glu Pro Arg

705 710 715 720

Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 121

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 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 Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Asp Asn Asn Gly Val 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
Asp 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 Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly 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 Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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 Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala
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 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> 122

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 122

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Asp Asn Asn Gly Val 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

Asp 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 Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe

450 455 460

Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile

465 470 475 480

Pro Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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

Ser Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala

580 585 590

Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile 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> 123
<211> 743
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 123
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
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 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 Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 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 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 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 Phe Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gln 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 Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Val 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 Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala 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 Leu Val His Asn Gln Gly Val
595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn 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 Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala

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 Phe Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 124

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 124

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
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 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 Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 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 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 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 Phe Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gln 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 Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Val 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 Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val 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 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 125

<211> 743

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 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 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 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 Phe 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 Val

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn 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 Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ala

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 Thr Asn Val Asp 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 Phe Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 126

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 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 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 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 Phe 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 Val 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 127

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 127

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

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 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 Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 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 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 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 Phe Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gln Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys 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 Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Val 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 Glu
565 570 575
Tyr Gly Ala Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val 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 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 128

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 128

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 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 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 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 Phe 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 Val 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 129

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 129

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp 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 Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr 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 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 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 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 Phe Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Ala Gly Thr 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 Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr 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
Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Asn Val Asp Tyr Ser Gln 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 Asn Gln Ser Ala Asn Thr 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 130
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 130
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp 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 Phe Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Ala Gly Thr Gln Thr Leu Gln 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 Thr Lys Tyr His 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 Asn Val Asp Tyr Ser Gln 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 Ala Val Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His 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 Phe Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 131

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 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 Thr 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 Phe Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Ala Gly 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 Asn Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly 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 Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile 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

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 Thr Asn Asn Gln Ser Ala Asn Thr Gln Ala

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 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 Phe Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 132
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 132
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Phe 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 Ala Asn Thr Gln Ala

580 585 590

Gln Thr Gly Leu Val His 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 133

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 133

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

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 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 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 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 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 Phe Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn 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 Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala 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 Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Val 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
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 Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro
580 585 590
Gln Ile Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 134
<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 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 Ala Ser Thr Gly Ala Ser 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 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 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 Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp 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 Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala 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 Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Ile Leu 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

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 Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp 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 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 Ala Lys Ser Ala 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> 135

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 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 Ala Ser Thr Gly Ala Ser 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 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 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 Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Ala 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 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 Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Ile Leu 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

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 Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp 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 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 Ala Lys Ser Ala 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> 136
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 136
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ala Ser Thr Gly Ala Ser 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 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 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 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 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 Ala Lys Ser Ala 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> 137
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 137
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp 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 Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Asp Asn Asn Gly Val 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
Asp 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 Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Val Ala Gly Pro Ala Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly 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 Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ile Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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 Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala

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 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> 138

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 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 Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Asp Asn Asn Gly Val 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

Asp 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 Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Val Ala Gly Pro Thr Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly 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 Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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 Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala
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 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> 139
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 139
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Asp Asn Asn Gly Val 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
Asp 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 Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Ala Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly 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 Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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 Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala

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 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> 140

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 140

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Asp Asn Asn Gly Val 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

Asp 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 Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Ile Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly 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 Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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 Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala

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 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> 141

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 141

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Asp Asn Asn Gly Val 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

Asp 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 Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Lys Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly 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 Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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 Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala

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 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> 142
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 142
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 Asp Asn Asn Gly Val 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

Asp 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 Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Val Ala Gly Ala Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Trp Leu

465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly 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 Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540
Gly Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys 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 Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala
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 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> 143

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 143

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
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 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 Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser 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 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 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 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 Phe Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Gln 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 Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Val 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 Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Thr Asn His Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val 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 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 144
<211> 734
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 144
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Lys Ser Gly Ser Val Asp Gly Ser 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 Val Gln Asp Ser Thr 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 Arg

370 375 380

Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu

385 390 395 400

Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr

405 410 415

Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln

420 425 430

Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr

435 440 445

Leu Ser Arg Thr Asn Thr Gly Gly Val Gln Phe Ser Gln Gly Gly Pro

450 455 460

Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr

465 470 475 480

Arg Gln Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly Val Asn Arg Ala Ser Val

485 490 495

Ser Ala Phe Ala Thr Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser

500 505 510

Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr Asn Asn Leu Gln Gly Ser

515 520 525

Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Leu Ile Phe Asn Ser Gln Pro Ala

530 535 540

Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu Gly Asn 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 Thr Asn Asn Gln Ser Ser Thr Thr Ala Pro Ala Thr 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 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 Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Asp Pro Gln Phe 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> 145

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 145

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
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 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 Lys Ser Gly Ser Val Asp Gly 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 Val Gln Asp Ser 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 Arg Asp
370 375 380
Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu 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 Phe Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Asn Thr Gly Gly Val Gln Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser
450 455 460
Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480

Gln Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly Val Asn Arg Ala Ser Val Ser
485 490 495
Ala Phe Ala Thr Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
500 505 510
Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn
515 520 525

Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Leu Ile Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn
530 535 540

Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu Gly Asn Met Ile Thr Asn Glu
545 550 555 560
Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Ala
565 570 575
Val Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Leu
580 585 590
Val His Asn Gln Gly Val 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 Asn Gln Ala Lys Leu Asn 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 Asp
690 695 700
Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu
705 710 715 720
Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Phe Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 146

<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 146

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ala Ser Thr Gly Ala Ser 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 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 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 Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp 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 Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala 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 Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Ile Leu 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

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 Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp 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 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 Ala Lys Ser Ala 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> 147

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 147

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser 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 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 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 Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Ala 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 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 Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Ile Leu 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
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 Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp 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 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 Ala Lys Ser Ala 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> 148

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 148

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Ala Ser Thr Gly Ala Ser 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 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 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 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 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 Ala Lys Ser Ala 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> 149
<211> 737
<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus
<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 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 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 Arg Leu Ser 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 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 Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gly
450 455 460
Phe Ser Gln Gly 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 Ala Asn Pro Gly Ile 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 Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu 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

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
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 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 Phe Glu Lys Gln Thr Gly 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> 150

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 150

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 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 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 Arg Leu Ser 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 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 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 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 Phe Glu Lys Gln Thr Gly 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> 151
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 151
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys 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 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 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 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 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 Phe Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn 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 Gly Gln
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala 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 Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Val 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

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 Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 152

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<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 Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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 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 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 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 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 Phe Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gln Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr 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 Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala 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 Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Val 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
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 Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590
Gln Ile Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val 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 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 Phe Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 153

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 153

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile 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 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 Lys Leu Arg 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 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

Ser 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 Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln 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 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 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 Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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 Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val 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 Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn 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> 154
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<400> 154
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp 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 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 Lys Leu Arg 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 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

Ser 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 Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe 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 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 Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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 Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val 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 Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn 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> 155

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 155

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile 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 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 Lys Leu Arg 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 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

Ser 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 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 Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn 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> 156
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-Associated Virus
<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 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 Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr 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 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 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 Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Lys Phe
450 455 460
Ser Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile
465 470 475 480
Pro Gly Pro Ser 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 Ser Ser Trp Ala Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Thr His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ser Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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
Ser Tyr Gly Gln Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro

580 585 590

Ile Val Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile 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 Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Met 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 Lys Asp 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> 157

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-Associated Virus

<400> 157

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro 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 Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr 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 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 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 Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Gln Ala Gly Pro Asn 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 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 His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser 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 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 Asp 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

Met 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 Lys Asp 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> 158
<211> 44
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic primer
<400> 158

gtgccctttt acggctgcgt gaactggacc aatgaaaact ttcc 44

<210> 159

<211> 44

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic primer

<400> 159

ccgacggagt gggcaatgcc tcaggaaatt ggcattgcga ttcc 44

<210> 160

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic polypeptide

<400> 160

Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys

1 5

【심사관 직권보정사항】

【직권보정 1】

【보정항목】청구범위

【보정세부항목】청구항 31

【변경전】

제29항에 있어서, 상기 시험관 내 세포는 곤충 세포 또는 포유동물 세포인, 시험관 내 세포.

【변경후】

제29항에 있어서, 상기 시험관 내 세포는 곤충 세포 또는 포유동물 세포인, 시험관 내 세포.