(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2024년07월24일
(11) 등록번호 10-2687458
(24) 등록일자 2024년07월18일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
*G01N 33/564* (2006.01) *A23L 17/00* (2016.01)
*A61K 39/00* (2006.01) *A61P 37/08* (2006.01)
*C07K 14/46* (2006.01)
(52) CPC특허분류
*G01N 33/564* (2013.01)
*A23L 17/00* (2016.08)
(21) 출원번호 10-2022-7038525(분할)
(22) 출원일자(국제) 2017년04월28일
심사청구일자 2022년11월07일
(85) 번역문제출일자 2022년11월03일
(65) 공개번호 10-2022-0153678
(43) 공개일자 2022년11월18일
(62) 원출원 특허 10-2021-7036859
원출원일자(국제) 2017년04월28일
심사청구일자 2021년12월10일
(86) 국제출원번호 PCT/JP2017/017018
(87) 국제공개번호 WO 2017/217128
국제공개일자 2017년12월21일
(30) 우선권주장
JP-P-2016-119919 2016년06월16일 일본(JP)
(56) 선행기술조사문헌
KR1020160105813 A
*(뒷면에 계속)*
전체 청구항 수 : 총 8 항

(73) 특허권자
**호유 가부시키가이샤**
일본 아이치켄 나고야시 히가시구 토쿠가와 1-초메 501반지
(72) 발명자
**마츠나가 카요코**
일본국 아이치켄 토요아케시 쿠츠카케쵸 덴가쿠가쿠보 1반치노 98 각코호진 후지타가쿠엔 후지타호켄에이세이다이가쿠나이
**야가미 아키코**
일본국 아이치켄 토요아케시 쿠츠카케쵸 덴가쿠가쿠보 1반치노 98 각코호진 후지타가쿠엔 후지타호켄에이세이다이가쿠나이
**시모죠 나오시**
일본국 아이치켄 나가쿠테시 로보쿠 1-12 호유 가부시키가이샤 소고켄큐쇼나이
(74) 대리인
**특허법인원전**

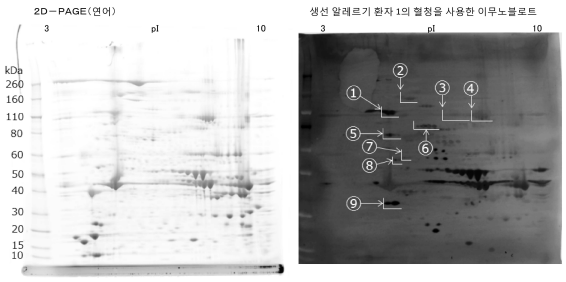
심사관 : 이수진

(54) 발명의 명칭 **생선 알레르기의 항원**

## (57) 요 약

본 발명은, 생선에 대한 알레르기의 신규 항원, 생선에 대한 알레르기의 진단 방법 및 진단 키트, 해당 항원을 포함하는 의약 조성물, 해당 항원이 제거된 생선, 생선알, 해당 생선 혹은 해당 생선알 가공품, 또는 해당 생선알을 낳는 혹은 해당 생선알로부터 태어난 생선, 및 대상물에 있어서의 생선 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터를 제공한다.

## 대 표 도



(52) CPC특허분류
*A61K 39/0005* (2013.01)
*A61P 37/08* (2018.01)
*C07K 14/461* (2013.01)

(56) 선행기술조사문헌
WO2002050269 A1
Sakaguchi M et al, J Allergy Clin Immunol (2000.09.), vol 106(3), pp 579-584.
Elsayed S et al, J Allergy (1971.05.), vol 4795), pp 283-291.
Perez-gordo M et al, Int Arch Allergy Immunol (2012), vol 157(1), pp 31-40.
야스마 카즈마 et al, 식이성 심마진(두드러기)의 알레르기(allergy) 학문적 연구 : (1)사카나에 의하는 알레르기성(allergy) 식이성 심마진(두드러기), 알레르기(allergy), 1984년, vol 33, no 12, pp 1016-1024.
Lee Joomin et al, Cell Biochem Funct (2016.05.05.), vol 34, pp 317-325.
Cristina Gamez et al, Molecular Nutrition & Food Research (2014.06.30.), vol 58, no 9, pp 1915-1925.
Van Do et al, Journal of Allergy and Clinical Immunology (2005.12.01.), vol 116, no 6, pp 1314-1320.
Kobayashi Y et al, Allergology International (2016.02.25.), vol 65, no 3, pp 272-279.
Naoshi Shimojo et al, Contact Dermatitis: Environmental and occupational Dermatitis (2017.04.07.), vol 76, no 5, pp 322-323.

# 명 세 서

## 청구범위

### 청구항 1

생선 알레르기의 진단 키트로서, 이하 (3), (11), 및 (14)의 단백질 중 적어도 하나 :

(3) (3A) α－1,4－글루칸포스포릴라아제(Alpha－1,4-glucan phosphorylase) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (3A－a)~(3A－e) 중 어느 하나의 단백질 :

(3A－a) 서열번호 10에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(3A－b) 서열번호 10으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(3A－c) 서열번호 9에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(3A－d) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(3A－e) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

(3B) 서열번호 10~16으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 1개를 포함하는 단백질 ;

(11) (11A) 글리코겐 포스포릴라아제, 머슬 폼-라이크(glycogen phosphorylase, muscle form-like) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (11A－a)~(11A－e) 중 어느 하나의 단백질 :

(11A－a) 서열번호 110에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(11A－b) 서열번호 110으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(11A－c) 서열번호 109에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(11A－d) 서열번호 109로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(11A－e) 서열번호 109로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

(11B) 서열번호 110~119로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

(14) (14A) L－락테이트데히드로게나아제 A 체인-라이크(L-lactate dehydrogenase A chain-like) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (14A－a)~(14A－e) 중 어느 하나의 단백질 :

(14A－a) 서열번호 144에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14A－b) 서열번호 144로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14A－c) 서열번호 143에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14A－d) 서열번호 143으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산

서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(14A-e) 서열번호 143으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

(14B) 서열번호 144~149로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

을 항원으로서 포함하는, 상기 진단 키트.

**청구항 2**

생선 알레르기의 진단용 조성물로서, 청구항 1에 있어서 (3), (11), 및 (14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 항원으로서 포함하는, 상기 진단용 조성물.

**청구항 3**

대상의 생선 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법으로서, 이하의 공정 :

(i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는, 여기서 해당 시료는 IgE 항체가 포함되는 용액인 ;

(ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합을 검출하는 ;

(iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 생선 알레르기인 것의 지표가 제공되는 ;

을 포함하고, 여기서 해당 항원은, 청구항 1에 있어서 (3), (11), 및 (14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법.

**청구항 4**

항원이 제거 또는 항원의 함유량이 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 생선으로서, 해당 항원은 청구항 1에 있어서 (3), (11), 및 (14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 생선.

**청구항 5**

청구항 1에 있어서 (3), (11), 및 (14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나와 결합되는 항체를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 생선 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터.

**청구항 6**

서열번호 9, 109, 또는 143으로 나타내는 염기 서열 중 적어도 1개의 일부와 상보적인 염기 서열을 가지는 프라이머를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 생선에 대한 알레르기의 원인이 되는 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터.

**청구항 7**

생선 유래의 항원으로서, 청구항 1에 있어서 (3), (11), 및 (14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나이며, 그리고 생선에 대한 알레르기의 원인이 되는, 상기 항원.

**청구항 8**

항원이 제거 또는 항원의 함유량이 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 생선 가공품으로서, 해당 항원은 청구항 1에 있어서 (3), (11), 및 (14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 생선 가공품.

**청구항 9**

삭제

**청구항 10**

삭제

## 발명의 설명

### 기 술 분 야

[0001] 본 발명은, 생선(魚)에 대한 알레르기의 신규 항원에 관한 것이다. 본 발명은 또한, 생선에 대한 알레르기의 진단 키트, 진단용 조성물, 및 진단 방법에 관한것이다. 본 발명은 또한, 해당 항원을 포함하는 의약 조성물, 및 해당 항원이 제거 또는 저감된 생선, 생선알(魚卵), 해당 생선 혹은 해당 생선알 가공품, 또는 해당 생선알을 낳는 혹은 해당 생선알로부터 태어난 생선에 관한 것이다. 본 발명은 또한, 대상물에 있어서의 생선 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터에 관한 것이다.

### 배 경 기 술

[0002] 알레르기 환자의 혈액 및 조직 중에서는, 특정의 항원에 특이적인 IgE 항체가 산생(産生)된다. 이 IgE 항체와 특정의 항원의 상호작용에 의해 발생된 생리학적 결과에 의해 알레르기 반응이 야기된다.

[0003] 종래의 알레르기 검사약에 있어서는, 간단히 알레르겐(allergen) 후보의 식품·식재 등을 갈아 으깨서 항원 시약을 작성한 경우가 많다(특허문헌 1). 이 때문에, 시약 중에는 무수한 단백질이 포함되어 있고, 개개의 단백질의 함유량은 매우 적은 것이었다. 이 때문에, 종래의 항원 시약 중에 포함되는 다수의 단백질 중에서, IgE 항체와의 결합에 관하여 양성 반응이 판정 가능한 역치(threshold value)를 초과하는 함유량의 단백질이 해당 알레르기 반응을 일으키는 특정의 항원 단백질(알레르겐 컴퍼넌트(allergen component))이었을 경우에만, 알레르기 검사에 있어서의 양성 반응을 검출하는 것이 가능했다. 반대로, 식품·식재 등의 알레르겐 중의 함유량이 적은 알레르겐 컴퍼넌트에 IgE 항체가 결합되는 환자에 관해서는, 종래의 알레르기 검사약을 사용해도 양성 반응을 판정할 수 없어, 진단 효율은 충분히 높다고는 할 수 없는 상태이었다.

[0004] 또한, 알레르기 반응의 증상이나 중독도(重篤度)는, 알레르겐 컴퍼넌트의 함유량과는 반드시 상관되지 않는다. 알레르겐 후보의 식품·재료 중에 미량으로 포함되는 알레르겐 컴퍼넌트에 환자의 IgE 항체가 반응하는 경우이라도 알레르기 증상이 나타나거나, 중독도에 관여되거나 하는 경우가 있다.

[0005] 식품·식재를 구성하는 하나 하나의 단백질에 대한 IgE 항체를 조사함으로써, 진단에 직결되는 감작(感作)과 범(汎)알레르겐 등에 의한 교차 항원성에 근거하는 감작을 구별하여 진단 효율을 올리는 시도도 진행되고 있다. 생선 알레르겐에 관해서는, 현재, 이하의 표에 나타내는 것이 알려져 있다(비특허문헌 1).

표 1

[0006]

| Species | Allergen | Biochemical name | MW(SDS-PAGE) | Food Allergen | Entry Date | Modified Date |
|---|---|---|---|---|---|---|
| *Clupea harengus* (Atlantic herring) | | | | | | |
| | Clu h 1 | Beta-parvalbumin | 12 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2014-11-03 |
| *Cyprinus carpio* (Common carp) | | | | | | |
| | Cyp c 1 | beta-parvalbumin | 12 | Yes | 2016-04-04 | 2013-09-10 |
| *Gadus callarias* (Baltic cod) | | | | | | |
| | Gad c 1 | Beta-parvalbumin | 12 | Yes | 2016-04-04 | 2010-04-29 |
| *Gadus morhua* (Atlantic cod) | | | | | | |
| | Gad m 1 | Beta-parvalbumin | 12 | Yes | 2016-04-04 | 2011-01-25 |
| | Gad m 2 | Beta-enolase | 47.3 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2012-07-30 |
| | Gad m 3 | Aldolase A | 40 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2012-07-30 |
| *Lates calcarifer* (Barramundi) | | | | | | |
| | Lat c 1 | Beta-parvalbumin | 11.5 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2014-11-13 |
| *Lepidorhombus whiffiagonis* (Megrim, Whiff, Gallo) | | | | | | |
| | Lep w 1 | Beta-parvalbumin | 11.5 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2010-04-29 |
| *Oncorhynchus keta* (Chum salmon) | | | | | | |
| | Onc k 5 | beta-prime-component of vitellogenin | 18 kda | Yes | 2016-04-04 | 2012-12-18 |
| *Oncorhynchus mykiss* (Rainbow trout) | | | | | | |
| | Onc m 1 | Beta-parvalbumin | 12 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2011-04-14 |
| *Oreochromis mossambicus* (Mozambique tilapia) | | | | | | |
| | Ore m 4 | Tropomyosin | 33 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2012-07-30 |
| *Salmo salar* (Atlantic salmon) | | | | | | |
| | Sal s 1 | Beta-parvalbumin 1 | 12 | Yes | 2016-04-04 | 2010-04-29 |
| | Sal s 2 | Beta-Enolase | 47.3 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2011-08-26 |
| | Sal s 3 | Aldolase A | 40 | Yes | 2016-04-04 | 2012-07-30 |
| *Sardinops sagax* (Pacific pilchard) | | | | | | |
| | Sar sa 1 | Beta-parvalbumin | 12 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2010-04-29 |
| *Sebastes marinus* (Ocean perch, redfish, snapper) | | | | | | |
| | Seb m 1 | Beta-parvalbumin | 11 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2010-04-29 |
| *Thunnus albacares* (Yellowfin tuna) | | | | | | |
| | Thu a 1 | Beta-parvalbumin | 11 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2010-04-29 |
| | Thu a 2 | Beta-enolase | 50 | Yes | 2016-04-04 | 2012-07-30 |
| | Thu a 3 | Aldolase A | 40 | Yes | 2016-04-04 | 2012-07-30 |
| *Xiphias gladius* (Swordfish) | | | | | | |
| | Xip g 1 | Beta-parvalbumin | 11.5 kDa | Yes | 2016-04-04 | 2010-04-29 |

[0007] 그러나, 알레르기 검사의 신뢰도를 높이기 위해서는, 알레르겐 후보의 식품·재료에 있어서, 알레르겐 컴퍼넌트를 망라적(網羅的)으로 특정할 필요가 있는데, 상기 알레르겐 컴퍼넌트의 측정에 의한 환자 검출률은 아직도 불충분하다. 생선의 신규 알레르겐을 동정(同定)하는 것은, 진단약의 정도(精度)를 높일 뿐만 아니라, 저(低)알레르겐 식품, 저(低)알레르겐 식재나 치료약의 타겟으로서도 매우 중요하다.

[0008] 한편, 단백질의 분리·정제에 관해서는, 종래, 세포 추출물 등에서 단백질이나 핵산을 분리·정제하는 방법이 여러 가지로 검토되어 오고 있다. 염 농도를 이용한 투석, 원심분리 등은 그 일례이라고 할 수 있다.

[0009] 또한, 단백질이나 핵산의 잔기(殘基)가 갖는 전하나, 분자량의 차이를 이용한 정제 방법도 다수 검토되고 있다. 전하를 이용한 정제 방법으로서는, 이온교환 수지를 사용한 컬럼 크로마토그래피나 등전점(等電點) 전기영동을 예시할 수 있다. 분자량의 차이를 이용한 정제 방법으로서는 원심분리, 분자량 체(篩)에 의한 컬럼 크로마토그래피나 SDS-PAGE(도데실 황산나트륨-폴리아크릴 아미도겔 전기영동)를 예시할 수 있다.

[0010] 최근, 소량의 샘플로부터 다양한 단백질을 분리 정제하는 방법으로서, 1차원째에 등전점 전기영동을 실시하고, 2차원째에 SDS-PAGE를 실시하는 2차원 전기영동법이 사용되고 있다. 출원인들은 지금까지, 분리능이 높은 2차원 전기영동법을 개발해 왔다(특허문헌 2~5).

## 선행기술문헌

### 특허문헌

[0011] (특허문헌 0001) 특허문헌 1 : 일본특허공개 특개 2002-286716

(특허문헌 0002) 특허문헌 2 : 일본특허공개 특개 2011-33544

(특허문헌 0003) 특허문헌 3 : 일본특허공개 특개 2011-33546

(특허문헌 0004) 특허문헌 4 : 일본특허공개 특개 2011-33547

(특허문헌 0005) 특허문헌 5 : 일본특허공개 특개 2011-33548

### 비특허문헌

[0012] (비특허문헌 0001) 비특허문헌 1 : Allergen Nomenclature, WHO/IUIS Allergen Nomenclature Sub-Committee, [평성 28년 6월 9일 검색] , 인터넷<URL: http://www.allergen.org/search.php?allergenname=&allergensource=&TaxSource=Animalia+Chordata&TaxOrder=&foodallerg=1&bioname= >

## 발명의 내용

### 해결하려는 과제

[0013] 본 발명은, 생선에 대한 알레르기의 신규 항원을 제공한다. 본 발명은 또한, 생선에 대한 알레르기의 진단 방법 및 진단 키트를 제공한다. 본 발명은 또한, 해당 항원을 포함하는 의약 조성물, 및 해당 항원이 제거 또는 저감된 생선, 생선알, 해당 생선 혹은 해당 생선알 가공품, 또는 해당 생선알을 낳는 혹은 해당 생선알로부터 태어난 생선을 제공한다. 본 발명은 또한, 대상물에 있어서의 생선 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터를 제공한다.

### 과제의 해결 수단

[0014] 본 발명자들은, 상기 과제를 해결하기 위해 생선에 대한 알레르기의 원인 항원 특정에 관하여 예의 (鋭意) 연구를 실시했다. 그 결과, 생선 알레르기를 가지는 환자의 혈청 중의 IgE 항체가 특이적으로 결합되는 신규 항원을 특정하는 것에 성공했다. 해당 지견(知見)에 근거하여, 본 발명은 완성되었다.

[0015] 즉, 일 양태(態様)에 있어서, 본 발명은 이하와 같아도 된다.

[0016] [1] 생선 알레르기의 진단 키트로서, 이하 (1)~(9)의 단백질 중 적어도 하나 :

[0017] (1) (1A) α-악티닌-3(AlphA-actinin-3) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (1A-a)~(1A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0018] (1A-a) 서열번호 2에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0019] (1A-b) 서열번호 2로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0020] (1A-c) 서열번호 1에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0021] (1A-d) 서열번호 1로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0022] (1A-e) 서열번호 1로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트(stringent)한 조건 하에서 하이브리다이즈(hybridize) 하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0023] (1B) 서열번호 2 또는 3의 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0024] (2) (2A) EEF1A2 바인딩 프로테인-라이크(EEF1A2 binding protein-like) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알

레르기의 항원인, 이하의 (2A-a)~(2A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0025] (2A-a) 서열번호 5에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0026] (2A-b) 서열번호 5로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0027] (2A-c) 서열번호 4에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0028] (2A-d) 서열번호 4로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0029] (2A-e) 서열번호 4로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0030] (2B) 서열번호 5~8로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

[0031] (3) (3A) α-1, 4-글루칸포스포릴라아제(AlphA-1,4-glucan phosphorylase) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (3A-a)~(3A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0032] (3A-a) 서열번호 10에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0033] (3A-b) 서열번호 10으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0034] (3A-c) 서열번호 9에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0035] (3A-d) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0036] (3A-e) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0037] (3B) 서열번호 10~16으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 1개를 포함하는 단백질 ;

[0038] (4) (4A) 엘론게이션 팩터 2(Elongation factor 2) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (4A-a)~(4A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0039] (4A-a) 서열번호 19에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0040] (4A-b) 서열번호 19로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0041] (4A-c) 서열번호 18에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0042] (4A-d) 서열번호 18로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0043] (4A-e) 서열번호 18로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0044] (4B) 서열번호 19~24로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 1개를 포함하는 단백질 ;

[0045] (5) (5A) 히트 쇼크 코그네이트 70kDa 프로테인(Heat shock cognate 70kDa protein) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (5A-a)~(5A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0046] (5A-a) 서열번호 26에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0047] (5A-b) 서열번호 26으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0048] (5A-c) 서열번호 25에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의

해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0049] (5A-d) 서열번호 25로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 혹은

[0050] (5A-e) 서열번호 25로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 또는

[0051] (5B) 서열번호 26~31로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 1개를 포함하는 단백질;

[0052] (6) (6A) 세로트란스페린(Serotransferrin) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (6A-a)~(6A-e) 중 어느 하나의 단백질:

[0053] (6A-a) 서열번호 33에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0054] (6A-b) 서열번호 33으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0055] (6A-c) 서열번호 32에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0056] (6A-d) 서열번호 32로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 혹은

[0057] (6A-e) 서열번호 32로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 또는

[0058] (6B) 서열번호 33~41로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질;

[0059] (7) (7A) 미오신 바인딩 프로테인 H-라이크(Myosin binding protein H-like) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (7A-a)~(7A-e) 중 어느 하나의 단백질:

[0060] (7A-a) 서열번호 43에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0061] (7A-b) 서열번호 43으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0062] (7A-c) 서열번호 42에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0063] (7A-d) 서열번호 42로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 혹은

[0064] (7A-e) 서열번호 42로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 또는

[0065] (7B) 서열번호 43~54로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질;

[0066] (8) (8A) 데스민(프래그먼트) (Desmin (Fragment)) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (8A-a)~(8A-e) 중 어느 하나의 단백질:

[0067] (8A-a) 서열번호 56에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0068] (8A-b) 서열번호 56으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0069] (8A-c) 서열번호 55에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

[0070] (8A-d) 서열번호 55로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 혹은

[0071] (8A-e) 서열번호 55로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 또는

[0072] (8B) 서열번호 56~59로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

[0073] (9) (9A) 캡핑 프로테인(액틴 필라멘트) 머슬 Z-라인 베타(Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (9A-a)~(9A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0074] (9A-a) 서열번호 61에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0075] (9A-b) 서열번호 61로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0076] (9A-c) 서열번호 60에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0077] (9A-d) 서열번호 60으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0078] (9A-e) 서열번호 60으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0079] (9B) 서열번호 61~68로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

[0080] 을 항원으로서 포함하는, 상기 진단 키트.

[0081] [2] 생선 알레르기의 진단용 조성물로서, 상기 [1]에 있어서 (1)~(9)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 항원으로서 포함하는, 상기 진단용 조성물.

[0082] [3] 대상의 생선 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법으로서, 이하의 공정 :

[0083] (i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는, 여기서 해당 시료는 IgE 항체가 포함되는 용액인 ;

[0084] (ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합을 검출하는 ;

[0085] (iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 생선 알레르기인 것의 지표가 제공되는 ;

[0086] 을 포함하고, 여기서 해당 항원은, 상기 [1]에 있어서 (1)~(9)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법.

[0087] [4] 상기 [1]에 있어서 (1)~(9)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 포함하는 의약 조성물.

[0088] [5] 생선 알레르기를 치료하기 위한, 상기 [4]에 기재된 의약 조성물.

[0089] [6] 항원이 제거 또는 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 생선 또는 생선 가공품으로서, 해당 항원은 상기 [1]에 있어서 (1)~(9)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 생선 또는 생선 가공품.

[0090] [7] 상기 [1]에 있어서 (1)~(9)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나로 결합하는 항체를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 생선 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터.

[0091] [8] 서열번호 1, 4, 9, 18, 25, 32, 42, 55 또는 60으로 나타내는 염기 서열 중 적어도 1개의 일부와 상보적인 염기 서열을 가지는 프라이머를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 생선에 대한 알레르기의 원인이 되는 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터.

[0092] [9] 생선 알레르기의 진단 키트로서, 이하 (10)~(14)의 단백질 중 적어도 하나 :

[0093] (10) (10A) 미오신 헤비 체인, 패스트 스켈레탈 머슬-라이크(myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (10A-a)~(10A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0094] (10A-a) 서열번호 70에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0095] (10A-b) 서열번호 70으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0096] (10A-c) 서열번호 69에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0097] (10A-d) 서열번호 69로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0098] (10A-e) 서열번호 69로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0099] (10B) 서열번호 70~108로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

[0100] (11) (11A) 글리코겐 포스포릴라아제, 머슬 폼-라이크(glycogen phosphorylase, muscle form-like) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (11A-a)~(11A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0101] (11A-a) 서열번호 110에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0102] (11A-b) 서열번호 110으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0103] (11A-c) 서열번호 109에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0104] (11A-d) 서열번호 109로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0105] (11A-e) 서열번호 109로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0106] (11B) 서열번호 110~119로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

[0107] (12) (12A) 미오신 바인딩 프로테인 C, 패스트-타입-라이크(myosin-binding protein C, fast-type-like) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (12A-a)~(12A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0108] (12A-a) 서열번호 121에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0109] (12A-b) 서열번호 121로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0110] (12A-c) 서열번호 120에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0111] (12A-d) 서열번호 120으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0112] (12A-e) 서열번호 120으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0113] (12B) 서열번호 121~136으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

[0114] (13) (13A) ATP 신타아제 서브유닛 β, 미트콘드리알(ATP synthase subunit beta, mitochondrial) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (13A-a)~(13A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0115] (13A-a) 서열번호 138에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0116] (13A-b) 서열번호 138로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0117] (13A-c) 서열번호 137에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0118] (13A-d) 서열번호 137으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0119] (13A-e) 서열번호 137으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0120] (13B) 서열번호 138~142로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

[0121] (14) (14A) L-락테이트데히드로게나아제 A 체인-라이크(L-lactate dehydrogenase A chain-like) 또는 그 변이체로서, 생선에 대한 알레르기의 항원인, 이하의 (14A-a)~(14A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

[0122] (14A-a) 서열번호 144에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0123] (14A-b) 서열번호 144로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0124] (14A-c) 서열번호 143에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

[0125] (14A-d) 서열번호 143으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

[0126] (14A-e) 서열번호 143으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

[0127] (14B) 서열번호 144~149로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

[0128] 을 항원으로서 포함하는, 상기 진단 키트.

[0129] [10] 생선 알레르기의 진단용 조성물로서, 상기 [9]에 있어서 (10)~(14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 항원으로서 포함하는, 상기 진단용 조성물.

[0130] [11] 대상의 생선 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법으로서, 이하의 공정 :

[0131] (i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는, 여기서 해당 시료는 IgE 항체가 포함되는 용액인 ;

[0132] (ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합을 검출하는 ;

[0133] (iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 생선 알레르기인 것의 지표가 제공되는 ;

[0134] 을 포함하고, 여기서 해당 항원은, 상기 [9]에 있어서 (10)~(14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법.

[0135] [12] 상기 [9]에 있어서 (10)~(14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 포함하는 의약 조성물.

[0136] [13] 생선 알레르기를 치료하기 위한, 상기 [12]에 기재된 의약 조성물.

[0137] [14] 항원이 제거 또는 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 생선 또는 생선 가공품으로서, 해당 항원은 상기 [9]에 있어서 (10)~(14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 생선 또는 생선 가공품.

[0138] [15] 상기 [9]에 있어서 (10)~(14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나로 결합하는 항체를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 생선 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터.

[0139] [16] 서열번호 69, 109, 120, 137 또는 143으로 나타내는 염기 서열 중 적어도 1개의 일부와 상보적인 염기 서열을 가지는 프라이머를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 생선에 대한 알레르기의 원인이 되는 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터.

[0140] [17] 생선 유래의 항원으로서, 상기 [1]에 있어서 (1)~(9)로서 특정되는 단백질 중 적어도 1개이고, 그리고 생선에 대한 알레르기의 원인이 되는, 상기 항원.

[0141] [18] 생선 유래의 항원으로서, 상기 [9]에 있어서 (10)~(14)로서 특정되는 단백질 중 적어도 1개이고, 그리고 생선에 대한 알레르기의 원인이 되는, 상기 항원.

## *발명의 효과*

[0142] 본 발명에 의해, 생선에 대한 알레르기의 신규 항원을 제공할 수 있다. 본 발명에 있어서 생선 알레르기를 일으키는 신규한 항원(알레르겐 컴퍼넌트)이 동정(同定)된 점에서, 생선에 대한 알레르기의 고감도의 진단 방법 및 진단 키트, 해당 항원을 포함하는 의약 조성물, 해당 항원이 제거 또는 저감된 생선, 생선알, 해당 생선 혹은 해당 생선알 가공품, 또는 해당 생선알을 낳는 혹은 해당 생선알로부터 태어난 생선, 및 대상물에 있어서의 생선 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터를 제공할 수 있다.

## 도면의 간단한 설명

[0143] [도 1a] 도 1a는, 연어 몸의 추출물에 포함되는 단백질에 관하여, 2차원 전기 영동에 의한 단백질의 영동패턴을 나타내는 겔의 사진(좌측 도면) 및 2차원 전기 영동 패턴에 대하여, 생선 알레르기 환자 1의 혈청을 사용한 이무노블로트(immunoblot)의 사진(우측 도면)이다. 겔 사진의 좌측의 밴드는 분자량 마커의 밴드이며, 겔 사진의 좌측의 수치는 각 분자량 마커의 분자량(KDa)이다. 사진 상부의 수치는, 등전점을 나타낸다.

[도 1b] 도 1b는, 연어 몸의 추출물에 포함되는 단백질에 대한 2차원 전기 영동 패턴에 대하여, 생선 알레르기 환자 2의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진(좌측 도면) 및 생선 알레르기 환자 3의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진(우측 도면)이다. 각 사진 상부의 수치는, 등전점을 나타낸다.

[도 2] 도 2는, 10 종류의 생선 몸의 추출물에 포함되는 단백질의 2차원 전기 영동 패턴에 대하여, 생선 알레르기 환자 1의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다.

[도 3] 도 3은, 10 종류의 생선 몸의 추출물에 포함되는 단백질의 2차원 전기 영동 패턴에 대하여, 생선 알레르기 증상을 갖지 않는 피험자(비생선 알레르기 피험자)의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다.

[도 4] 도 4는, 6 종류의 생선 몸의 추출물에 포함되는 단백질의 2차원 전기 영동 패턴에 대하여, 생선 알레르기 환자 4의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다.

## 발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0144] 이하에 본 발명을 구체적으로 설명하지만, 본 발명은 이들에 한정되는 것은 아니다.

[0145] 본 명세서에서 특별히 정의되지 않는 이상, 본 발명과 관련하여 사용되는 과학 용어 및 기술 용어는, 당업자에 의해 일반적으로 이해되는 의미를 가지는 것으로 한다.

[0146] 본 명세서에 있어서 알레르기란, 어느 항원에 감작되고 있는 생체에, 다시 해당 항원이 들어갔을 경우에 일어나는, 생체에 적절치 않은 과민 반응을 나타내는 상태를 말한다. 음식에 있어서의 알레르기 질환의 대부분에 있어서, 혈액 및 조직에서 항원에 특이적인 IgE 항체가 산생된다. IgE 항체는, 비만세포 또는 호염기구(好鹽基球)와 결합된다. 해당 IgE 항체에 특이적인 항원이 다시 알레르기 질환 환자의 체내에 들어가면, 해당 항원은 비만세포 또는 호염기구와 결합된 IgE 항체와 조합되고, 그리고 해당 IgE 항체가 세포 표면에서 가교되어, IgE 항체-항원 상호작용의 생리학적 효과를 발생한다. 이들의 생리학적 효과로서, 히스타민, 세라토닌, 헤파린, 호산구 유주인자(好酸球遊走因子) 또는 각종 류코트리엔(leukotriene) 등의 방출을 들 수 있다. 이들 방출 물질은, IgE 항체와 특정의 항원의 조합에 의해 일어나는 알레르기 반응을 야기한다. 특정의 항원에 의한 알레르기 반응은, 상기의 경로를 통해서 나타난다.

[0147] 본 명세서에 있어서 생선이란, 어류 중 경골 어류, 연골어류, 바람직하게는 경골 어류, 보다 바람직하게는 연어목(目), 농어목, 뱀장어목, 대구목, 가자미목에 속하는 것, 더욱 바람직하게는 연어과, 전갱이과, 붕장어과, 도미과, 고등어과, 대구과, 뱀장어과, 넙치과에 속하는 것, 더욱 보다 바람직하게는 연어, 전갱이, 붕장어, 감성돔, 고등어, 도미, 대구, 방어, 뱀장어, 넙치를 의미한다. 생선은 식용의 것이어도 된다.

[0148] 본 명세서에 있어서 생선알이란, 생선의 알을 의미한다. 생선알은 식용의 것이어도 된다.

[0149] 본 명세서에 있어서 생선에 대한 알레르기란, 생선에 포함되는 단백질 등을 항원으로서 발생되는 알레르기 반응을 갖는 상태를 말한다. 생선에 대한 알레르기는, 생선에 포함되는 항원과 접촉한 경우, 혹은 해당 항원을 섭취한 경우에, 알레르기 반응을 일으킬 수 있다. 일반적으로 음식을 섭취한 경우에 발생되는 알레르기 반응을 특히 음식 알레르기라고 한다. 생선에 대한 알레르기는 음식 알레르기이어도 된다.

[0150] 본 명세서에 있어서 항원이란, 알레르기 반응을 야기시키는 물질이며, 알레르겐 컴퍼넌트라고도 칭해진다. 항원은 바람직하게는 단백질이다.

[0151] 본 명세서에 있어서, 단백질은, 천연의 아미노산이 펩티드 결합에 의해 연결된 구조를 갖는 분자이다. 단백질에

포함되는 아미노산의 수는 특별히 한정되지 않지만, 2~50개 정도의 아미노산이 펩티드 결합에 의해 연결된 단백질을, 펩티드이라고 부르는 경우가 있다. 또한, 아미노산에 관해서 광학 이성체가 있을 수 있는 경우는, 특별히 명시하지 않으면 L체를 나타낸다. 본 명세서에서 사용되는 단백질 또는 펩티드의 아미노산 서열의 표기법은, 표준적 용법 및 당업계에서 관용되고 있는 표기법에 근거하여, 아미노산이 한 글자 표기로 나타내지고, 왼쪽 방향은 아미노 말단 방향이며, 그리고 오른쪽 방향은 카복시 말단 방향이다.

[0152] 항원의 특정

[0153] 생선에 포함되는 단백질에 관하여, 상기의 방법을 이용하여 생선에 대한 알레르기의 항원의 특정을 실시했다. 구체적으로는, 생선의 몸으로부터 단백질을 추출하고, 하기의 조건에서 2차원 전기 영동에 제공했다.

[0154] 1차원째의 전기영동은, 등전점 전기영동용 겔(gel)로서, 겔 길이가 5~10cm의 범위 내로서, 겔의 pH 범위가 3~10이며, 영동 방향에 대한 겔의 pH 구배가, 겔의 전체 길이를 1로 하고, pH5까지의 겔 길이를 a, pH5~7의 겔 길이를 b, pH7 이상의 겔 길이를 c로 한 경우에 있어서, a가 0.15~0.3의 범위 내, b가 0.4~0.7의 범위 내, c가 0.15~0.3의 범위 내인 겔을 사용하고, 구체적으로는, GE 헬스케어바이오사이언스 주식회사(이하, GE사로 생략한다)제의 IPG 겔 Immobiline Drystrip (pH3-10NL)를 사용하여 등전점 영동을 실시했다. 전기영동 기기는, GE사제의 IPGphor를 사용했다. 전기영동 기기의 전류값의 상한을 겔 1개 당 75μA로 설정하고, 전압 프로그램을, (1) 300V 정전압으로 750Vhr까지 정전압 공정을 실시하고(해당 공정 종료 전의 영동 30분간의 전류 변화폭이 5μA이었다), (2) 300Vhr 걸어 1000V까지 서서히 전압을 상승시키고, (3) 4500Vhr 걸어 5000V까지 서서히 전압을 더 상승시키고, (4) 그 후 5000V 정전압으로 총 Vhr이 12000이 될 때까지, 1차원째의 등전점 전기영동을 실시했다.

[0155] 2차원째의 전기영동은, 영동 방향 기단부(基端部)의 겔 농도가 3~6%로 설정되고, 영동 방향 선단측(先端側) 부분의 겔 농도가 영동 방향 기단부의 겔 농도보다 높게 설정된 폴리아크릴아미도 겔을 사용하고, 구체적으로는 life technologies사제의 NuPAGE 4-12% Bris-Tris Gels IPG well mini 1mm을 사용하여 SDS-PAGE를 실시했다. 전기영동 기기는, life technologies사제의 XCell SureLock Mini-Cell를 사용했다. 영동 완충액으로서 50mM MOPS, 50mM Tris 염기, 0.1%(w/v) SDS, 1mM EDTA를 사용하여, 200V 정전압으로 약 45분간 영동을 실시했다.

[0156] 그 결과, 생선의 단백질에 관하여 상기의 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 이하의 스포트가, 생선에 대한 알레르기 환자로서 즉시형 (卽時型) 알레르기이라고 진단된 환자의 IgE 항체에 특이적으로 결합되는 것을 밝혔다.

[0157] 스포트 1 : 분자량 80~160kDa, pI3.0~7.0

[0158] 스포트 2 : 분자량 110~260kDa, pI4.0~8.0

[0159] 스포트 3 : 분자량 80~160kDa, pI4.0~10.0

[0160] 스포트 4 : 분자량 80~160kDa, pI5.0~11.0

[0161] 스포트 5 : 분자량 50~110kDa, pI3.0~7.0

[0162] 스포트 6 : 분자량 60~110kDa, pI4.0~8.0

[0163] 스포트 7 : 분자량 40~80kDa, pI4.0~8.0

[0164] 스포트 8 : 분자량 40~80kDa, pI3.0~7.0

[0165] 스포트 9 : 분자량 20~50kDa, pI3.0~7.0

[0166] 스포트 10 : 분자량 160~300, pI3.0~7.0

[0167] 스포트 11 : 분자량 80~160, pI4.0~8.0

[0168] 스포트 12 : 분자량 100~160, pI4.0~7.0

[0169] 스포트 13 : 분자량 30~70, pI3.0~7.0

[0170] 스포트 14 : 분자량 20~50, pI5.0~9.0

[0171] 항원

[0172] (1) 스포트 1의 항원

[0173] 스포트 1에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 3의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0174] 또한, 스포트 1에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 3)를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, α-악티닌-3(AlphA-actinin-3) (아미노산 서열 : 서열번호 2, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 1)인 것이 동정되었다. 서열번호 3은 서열번호 2의 아미노산 572~585에 상당한다.

[0175] 따라서, 본원에 있어서 스포트 1의 항원은, 이하 (1A-a)~(1A-e) 및 (1B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0176] (1A-a) 서열번호 2에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0177] (1A-b) 서열번호 2로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0178] (1A-c) 서열번호 1에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0179] (1A-d) 서열번호 1로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0180] (1A-e) 서열번호 1로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈(hybridize)하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0181] (1B) 서열번호 2 또는 3의 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있고, 서열번호 2 또는 3으로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0182] 상기 (1A-a)~(1A-e) 및 (1B)의 단백질에는, 인산화(燐酸化)나 당쇄수식(糖鎖修飾), 아미노아실화, 개환(開環), 탈(脫)아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식(修飾)을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0183] 상기 (1A-a)~(1A-e) 및 (1B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 80kDa~160kDa, 바람직하게는 분자량 90kDa~120kDa 부근, 및 등전점 3.0~7.0, 바람직하게는 등전점 3.0~6.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0184] 바람직하게는, 스포트 1의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0185] (2) 스포트 2의 항원

[0186] 스포트 2에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 6~8의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0187] 또한, 스포트 2에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 6~8)를 UniProt의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, EEF1A2 바인딩 프로테인-라이크(EEF1A2 binding protein-like) (아미노산 서열 : 서열번호 5, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 4)인 것이 동정되었다. 서열번호 6은 서열번호 5의 아미노산 143~159, 서열번호 7은 서열번호 5의 아미노산 395~404, 서열번호 8은 서열번호 5의 아미노산 427~447에 각각 상당한다.

[0188] 따라서, 본원에 있어서 스포트 2의 항원은, 이하 (2A-a)~(2A-e) 및 (2B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0189] (2A-a) 서열번호 5에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0190] (2A-b) 서열번호 5로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0191] (2A-c) 서열번호 4에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0192] (2A-d) 서열번호 4로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0193] (2A-e) 서열번호 4로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0194] (2B) 서열번호 5~8로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열 중 적어도 2, 3종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 5~8 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0195] 상기 (2A-a)~(2A-e) 및 (2B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0196] 상기 (2A-a)~(2A-e) 및 (2B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 110kDa~260kDa, 바람직하게는 분자량 120kDa~160kDa 부근, 및 등전점 4.0~8.0, 바람직하게는 등전점 4.0~7.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0197] 바람직하게는, 스포트 2의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0198] (3) 스포트 3의 항원

[0199] 스포트 3에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 11~16의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0200] 또한, 스포트 3에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 11~17)를 UniProt의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, α-1, 4-글루칸포스포릴라아제(AlphA-1,4-glucan phosphorylase) (아미노산 서열 : 서열번호 10, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 9)인 것이 동정되었다. 서열번호 11은 서열번호 10의 아미노산 836~844, 서열번호 12는 서열번호 10의 아미노산 13~29, 서열번호 13은 서열번호 10의 아미노산 657~681, 서열번호 14는 서열번호 10의 아미노산 471~479, 서열번호 15는 서열번호 10의 아미노산 546~555, 서열번호 16은 서열번호 10의 아미노산 727~741에 각각 상당한다.

[0201] 따라서, 본원에 있어서 스포트 3의 항원은, 이하 (3A-a)~(3A-e) 및 (3B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0202] (3A-a) 서열번호 10에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0203] (3A-b) 서열번호 10으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0204] (3A-c) 서열번호 9에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0205] (3A-d) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0206] (3A-e) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0207] (3B) 서열번호 10~16으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열 중 적어도 2, 3, 4, 5, 6종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질.더욱 바람직하게는, 서열번호 10, 12, 13, 15, 및 16으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열 중 적어도 2, 3, 4종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 10~16 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0208] 상기 (3A-a)~(3A-e) 및 (3B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0209] 상기 (3A-a)~(3A-e) 및 (3B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 80kDa~160kDa, 바람직하게는 분자량 90kDa~120kDa 부근, 및 등전점 4.0~10.0, 바람직하게는 등전점 5.0~8.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0210] 바람직하게는, 스포트 3의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0211] (4) 스포트 4의 항원

[0212] 스포트 4에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 20~24의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0213] 또한, 스포트 4에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 20~24)를 UniProt의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 엘론게이션 팩터 2(Elongation factor 2) (아미노산 서열 : 서열번호 19, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 18)인 것이 동정되었다. 서열번호 20은 서열번호 19의 아미노산 831~840, 서열번호 21은 서열번호 19의 아미노산 560~571, 서열번호 22는 서열번호 19의 아미노산 560~572, 서열번호 23은 서열번호 19의 아미노산 677~688, 서열번호 24는 서열번호 19의 아미노산 620~629에 각각 상당한다.

[0214] 따라서, 본원에 있어서 스포트 4의 항원은, 이하 (4A-a)~(4A-e) 및 (4B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0215] (4A-a) 서열번호 19에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0216] (4A-b) 서열번호 19로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0217] (4A-c) 서열번호 18에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0218] (4A-d) 서열번호 18로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0219] (4A-e) 서열번호 18로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0220] (4B) 서열번호 19~24로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열 중 적어도 2, 3, 4, 5종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 19~24 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0221] 상기 (4A-a)~(4A-e) 및 (4B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0222] 상기 (4A-a)~(4A-e) 및 (4B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 80kDa~160kDa, 바람직하게는 분자량 90kDa~120kDa 부근, 및 등전점 5.0~11.0, 바람직하게는 등전점 6.0~8.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0223] 바람직하게는, 스포트 4의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0224] (5) 스포트 5의 항원

[0225] 스포트 5에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 27~31의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0226] 또한, 스포트 5에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 27~31)를 UniProt의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 히트 쇼크 코그네이트 70kDa 프로테인(Heat shock cognate 70kDa protein) (아미노산 서열 : 서열번호 26, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 25)인 것이 동정되었다. 서열번호 27은 서열번호 26의 아미노산 113~126, 서열번호 28은 서열번호 26의 아미노산 513~526, 서열번호 29는 서열번호 26의 아미노산 89~102, 서열번호 30은 서열번호 26의 아미노산 584~597, 서열번호 31은 서열번호 26의 아미노산 138~159에 각각 상당한다.

[0227] 따라서, 본원에 있어서 스포트 5의 항원은, 이하 (5A-a)~(5A-e) 및 (5B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0228] (5A-a) 서열번호 26에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0229] (5A-b) 서열번호 26으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85%

이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0230] (5A-c) 서열번호 25에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0231] (5A-d) 서열번호 25로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0232] (5A-e) 서열번호 25로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0233] (5B) 서열번호 26~31로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열 중 적어도 2, 3, 4, 5종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 26~31 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0234] 상기 (5A-a)~(5A-e) 및 (5B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0235] 상기 (5A-a)~(5A-e) 및 (5B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 50kDa~110kDa, 바람직하게는 분자량 60kDa~90kDa 부근, 및 등전점 3.0~7.0, 바람직하게는 등전점 3.0~6.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0236] 바람직하게는, 스포트 5의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0237] (6) 스포트 6의 항원

[0238] 스포트 6에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 34~41의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0239] 또한, 스포트 6에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 34~41)를 UniProt의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 세로트란스페린(Serotransferrin) (아미노산 서열 : 서열번호 33, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 32)인 것이 동정되었다. 서열번호 34는 서열번호 33의 아미노산 330~341, 서열번호 35는 서열번호 33의 아미노산 332~341, 서열번호 36은 서열번호 33의 아미노산 264~274, 서열번호 37은 서열번호 33의 아미노산 113~124, 서열번호 38은 서열번호 33의 아미노산 112~124, 서열번호 39는 서열번호 33의 아미노산 112~125, 서열번호 40은 서열번호 33의 아미노산 275~292, 서열번호 41은 서열번호 33의 아미노산 436~446에 각각 상당한다.

[0240] 따라서, 본원에 있어서 스포트 6의 항원은, 이하 (6A-a)~(6A-e) 및 (6B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0241] (6A-a) 서열번호 33에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0242] (6A-b) 서열번호 33으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0243] (6A-c) 서열번호 32에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0244] (6A-d) 서열번호 32로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0245] (6A-e) 서열번호 32로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0246] (6B) 서열번호 33~41로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열 중 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 33~41 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0247] 상기 (6A-a)~(6A-e) 및 (6B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0248] 상기 (6A-a)~(6A-e) 및 (6B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 60kDa~110kDa, 바람직하게는 분자량 70kDa~100kDa 부근, 및 등전점 4.0~8.0, 바람직하게는 등전점 5.0~7.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0249] 바람직하게는, 스포트 6의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0250] (7) 스포트 7의 항원

[0251] 스포트 7에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 44~54의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0252] 또한, 스포트 7에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 44~54)를 UniProt의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 미오신 바인딩 프로테인 H-라이크(Myosin binding protein H-like) (아미노산 서열 : 서열번호 43, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 42)인 것이 동정되었다. 서열번호 44는 서열번호 43의 아미노산 275~292, 서열번호 45는 서열번호 43의 아미노산 49~66, 서열번호 46은 서열번호 43의 아미노산 67~77, 서열번호 47은 서열번호 43의 아미노산 310~323, 서열번호 48은 서열번호 43의 아미노산 382~401, 서열번호 49는 서열번호 43의 아미노산 402~418, 서열번호 50은 서열번호 43의 아미노산 210~219, 서열번호 51은 서열번호 43의 아미노산 210~228, 서열번호 52는 서열번호 43의 아미노산 152~183, 서열번호 53은 서열번호 43의 아미노산 100~112, 서열번호 54는 서열번호 43의 아미노산 113~129에 각각 상당한다.

[0253] 따라서, 본원에 있어서 스포트 7의 항원은, 이하 (7A-a)~(7A-e) 및 (7B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0254] (7A-a) 서열번호 43에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0255] (7A-b) 서열번호 43으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0256] (7A-c) 서열번호 42에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0257] (7A-d) 서열번호 42로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0258] (7A-e) 서열번호 42로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0259] (7B) 서열번호 43~54로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 43~54 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0260] 상기 (7A-a)~(7A-e) 및 (7B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0261] 상기 (7A-a)~(7A-e) 및 (7B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 40kDa~80kDa, 바람직하게는 분자량 50kDa~60kDa 부근, 및 등전점 4.0~8.0, 바람직하게는 등전점 4.0~7.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0262] 바람직하게는, 스포트 7의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0263] (8) 스포트 8의 항원

[0264] 스포트 8에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 57~59의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0265] 또한, 스포트 8에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 57~59)를 UniProt의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 데스민(프래그먼트)(Desmin (Fragment))(아미노산 서열 : 서열번호 56, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 55)인 것이 동정되었다. 서열번호 57은 서열번호 56의 아미노산 364~380, 서열번호 58

은 서열번호 56의 아미노산 74~94, 서열번호 59는 서열번호 56의 아미노산 273~282에 각각 상당한다.

[0266] 따라서, 본원에 있어서 스포트 8의 항원은, 이하 (8A-a)~(8A-e) 및 (8B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0267] (8A-a) 서열번호 56에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0268] (8A-b) 서열번호 56으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0269] (8A-c) 서열번호 55에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0270] (8A-d) 서열번호 55로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0271] (8A-e) 서열번호 55로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0272] (8B) 서열번호 56~59로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 56~59 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0273] 상기 (8A-a)~(8A-e) 및 (8B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0274] 상기 (8A-a)~(8A-e) 및 (8B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 40kDa~80kDa, 바람직하게는 분자량 50kDa~60kDa 부근, 및 등전점 3.0~7.0, 바람직하게는 등전점 4.0~6.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0275] 바람직하게는, 스포트 8의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0276] (9) 스포트 9의 항원

[0277] 스포트 9에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 62~68의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0278] 또한, 스포트 9에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 62~68)를 UniProt의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 캡핑 프로테인(액틴 필라멘트) 머슬 Z-라인 베타(Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta)(아미노산 서열 : 서열번호 61, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 60)인 것이 동정되었다. 서열번호 62는 서열번호 61의 아미노산 200~223, 서열번호 63은 서열번호 61의 아미노산 238~254, 서열번호 64는 서열번호 61의 아미노산 261~274, 서열번호 65는 서열번호 61의 아미노산 224~235, 서열번호 66은 서열번호 61의 아미노산 169~181, 서열번호 67은 서열번호 61의 아미노산 245~254, 서열번호 68은 서열번호 61의 아미노산 79~95에 각각 상당한다.

[0279] 따라서, 본원에 있어서 스포트 9의 항원은, 이하 (9A-a)~(9A-e) 및 (9B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0280] (9A-a) 서열번호 61에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0281] (9A-b) 서열번호 61로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0282] (9A-c) 서열번호 60에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0283] (9A-d) 서열번호 60으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0284] (9A-e) 서열번호 60으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한

조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0285] (9B) 서열번호 61~68로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 61~68 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0286] 상기 (9A-a)~(9A-e) 및 (9B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0287] 상기 (9A-a)~(9A-e) 및 (9B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20kDa~50kDa, 바람직하게는 분자량 30kDa~40kDa 부근, 및 등전점 3.0~7.0, 바람직하게는 등전점 4.0~6.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0288] 바람직하게는, 스포트 9의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0289] (10) 스포트 10의 항원

[0290] 스포트 10에 대하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 71~108의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0291] 또한, 스포트 10에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터 (서열번호 71~108)를 NCBI 단백질 데이터와 조화하여 분석하였던바, 미오신 헤비 체인, 패스트 스켈레탈 머슬-라이크 (myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like) (아미노산 서열 : 서열번호 70, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 69) 인 것이 동정되었다. 서열번호 71은 서열번호 70의 아미노산 13~19, 서열번호 72은 서열번호 70의 아미노산 262~271, 서열번호 73은 서열번호 70의 아미노산 996~1014, 서열번호 74은 서열번호 70의 아미노산 951~961, 서열번호 75은 서열번호 70의 아미노산 1293~1303, 서열번호 76은 서열번호 70의 아미노산 1082~1091, 서열번호 77은 서열번호 70의 아미노산 1847~1856, 서열번호 78은 서열번호 70의 아미노산 172~186, 서열번호 79은 서열번호 70의 아미노산 919~937, 서열번호 80은 서열번호 70의 아미노산 249~258, 서열번호 81은 서열번호 70의 아미노산 706~717, 서열번호 82은 서열번호 70의 아미노산 50~59, 서열번호 83은 서열번호 70의 아미노산 415~430, 서열번호 84은 서열번호 70의 아미노산 834~845, 서열번호 85은 서열번호 70의 아미노산 617~630, 서열번호 86은 서열번호 70의 아미노산 1556~1567, 서열번호 87은 서열번호 70의 아미노산 1391~1408, 서열번호 88은 서열번호 70의 아미노산 1025~1040, 서열번호 89은 서열번호 70의 아미노산 1813~1836, 서열번호 90은 서열번호 70의 아미노산 743~755, 서열번호 91은 서열번호 70의 아미노산 1172~1192, 서열번호 92은 서열번호 70의 아미노산 353~364, 서열번호 93은 서열번호 70의 아미노산 1261~1292, 서열번호 94은 서열번호 70의 아미노산 1783~1789, 서열번호 95은 서열번호 70의 아미노산 1502~1519, 서열번호 96은 서열번호 70의 아미노산 1484~1497, 서열번호 97은 서열번호 70의 아미노산 1194~1212, 서열번호 98은 서열번호 70의 아미노산 1304~1314, 서열번호 99은 서열번호 70의 아미노산 369~384, 서열번호 100는 서열번호 70의 아미노산 1315~1322, 서열번호 101은 서열번호 70의 아미노산 1536~1555, 서열번호 102은 서열번호 70의 아미노산 237~248, 서열번호 103는 서열번호 70의 아미노산 1699~1725, 서열번호 104은 서열번호 70의 아미노산 1092~1104, 서열번호 105은 서열번호 70의 아미노산 407~414, 서열번호 106 서열번호 70의 아미노산 1897~1917, 서열번호 107은 서열번호 70의 아미노산 1458~1470, 서열번호 108은 서열번호 70의 아미노산 1373~1388에 각각 상당(相當)한다.

[0292] 따라서, 본원에 있어서 스포트 10의 항원은, 이하 (10A-a)~(10A-e) 및 (10B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0293] (10A-a) 서열번호 70에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0294] (10A-b) 서열번호 70으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0295] (10A-c) 서열번호 69에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0296] (10A-d) 서열번호 69로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0297] (10A-e) 서열번호 69로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0298] (10B) 서열번호 70~108로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 70~108 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0299] 상기 (10A-a)~(10A-e) 및 (10B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0300] 상기 (10A-a)~(10A-e) 및 (10B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 160kDa~300kDa, 바람직하게는 분자량 160kDa~260kDa, 더욱 바람직하게는 분자량 200kDa~230kDa 부근, 및 등전점 3.0~7.0, 바람직하게는 등전점 4.0~6.0, 더욱 바람직하게는 등전점 4.5~5.5의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0301] 바람직하게는, 스포트 10의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0302] (11) 스포트 11의 항원

[0303] 스포트 11에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 111~119의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0304] 또한, 스포트 11에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 111~119)를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 글리코겐포스포릴라아제, 머슬 폼-라이크(glycogen phosphorylase, muscle form-like)(아미노산 서열 : 서열번호 110, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 109)인 것이 동정되었다. 서열번호 111은 서열번호 110의 아미노산 471~479, 서열번호 112는 서열번호 110의 아미노산 547~555, 서열번호 113은 서열번호 110의 아미노산 203~215, 서열번호 114는 서열번호 110의 아미노산 727~741, 서열번호 115는 서열번호 110의 아미노산 508~520, 서열번호 116은 서열번호 110의 아미노산 742~755, 서열번호 117은 서열번호 110의 아미노산 13~29, 서열번호 118은 서열번호 110의 아미노산 775~784, 서열번호 119는 서열번호 110의 아미노산 643~656에 각각 상당한다.

[0305] 따라서, 본원에 있어서 스포트 11의 항원은, 이하 (11A-a)~(11A-e) 및 (11B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0306] (11A-a) 서열번호 110에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0307] (11A-b) 서열번호 110으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0308] (11A-c) 서열번호 109에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0309] (11A-d) 서열번호 109로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0310] (11A-e) 서열번호 109로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0311] (11B) 서열번호 110~119로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 110~119 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0312] 상기 (11A-a)~(11A-e) 및 (11B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0313] 상기 (11A-a)~(11A-e) 및 (11B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영

동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 80kDa~160kDa, 바람직하게는 분자량 80kDa~110kDa, 더욱 바람직하게는 분자량 90kDa~110kDa 부근, 및 등전점 4.0~8.0, 바람직하게는 등전점 5.0~7.5, 더욱 바람직하게는 등전점 6.5~7.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0314] 바람직하게는, 스포트 11의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0315] (12) 스포트 12의 항원

[0316] 스포트 12에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 122~136의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0317] 또한, 스포트 12에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 122~136)를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 미오신 바인딩 그프로테인 C, 패스트-타입-라이크(myosin-binding protein C, fast-type-like)(아미노산 서열 : 서열번호 121, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 120)인 것이 동정되었다. 서열번호 122는 서열번호 121의 아미노산 197~204, 서열번호 123은 서열번호 121의 아미노산 421~434, 서열번호 124는 서열번호 121의 아미노산 329~336, 서열번호 125는 서열번호 121의 아미노산 413~420, 서열번호 126은 서열번호 121의 아미노산 240~246, 서열번호 127은 서열번호 121의 아미노산 214~228, 서열번호 128은 서열번호 121의 아미노산 1014~1024, 서열번호 129는 서열번호 121의 아미노산 842~855, 서열번호 130은 서열번호 121의 아미노산 260~274, 서열번호 131은 서열번호 121의 아미노산 672~685, 서열번호 132는 서열번호 121의 아미노산 506~512, 서열번호 133은 서열번호 121의 아미노산 205~213, 서열번호 134는 서열번호 121의 아미노산 165~182, 서열번호 135는 서열번호 121의 아미노산 321~328, 서열번호 136은 서열번호 121의 아미노산 70~82에 각각 상당한다.

[0318] 따라서, 본원에 있어서 스포트 12의 항원은, 이하 (12A-a)~(12A-e) 및 (12B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0319] (12A-a) 서열번호 121에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0320] (12A-b) 서열번호 121로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0321] (12A-c) 서열번호 119에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0322] (12A-d) 서열번호 119로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0323] (12A-e) 서열번호 119로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0324] (12B) 서열번호 121~136으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 121~136 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0325] 상기 (12A-a)~(12A-e) 및 (12B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0326] 상기 (12A-a)~(12A-e) 및 (12B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 100kDa~160kDa, 바람직하게는 분자량 110kDa~150kDa, 더욱 바람직하게는 분자량 120kDa~140kDa 부근, 및 등전점 4.0~7.0, 바람직하게는 등전점 4.0~6.0, 더욱 바람직하게는 등전점 5.0~6.0의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0327] 바람직하게는, 스포트 12의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0328] (13) 스포트 13의 항원

[0329] 스포트 13에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 139~142의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0330] 또한, 스포트 13에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 139~142)를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, ATP 신타아제 서브유닛 β, 미트콘드리알(ATP synthase subunit beta, mitochondrial)(아미노산 서열 : 서열번호 138, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 137)인 것이 동정되었다. 서열번호 139는 서열번호 138의 아미노산 191~201, 서열번호 140은 서열번호 138의 아미노산 449~469, 서열번호 141은 서열번호 138의 아미노산 202~214, 서열번호 142는 서열번호 138의 아미노산 178~187에 각각 상당한다.

[0331] 따라서, 본원에 있어서 스포트 13의 항원은, 이하 (13A－a)~(13A－e) 및 (13B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0332] (13A－a) 서열번호 138에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0333] (13A－b) 서열번호 138로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0334] (13A－c) 서열번호 137에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0335] (13A－d) 서열번호 137으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0336] (13A－e) 서열번호 137으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0337] (13B) 서열번호 138~142로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 138~142 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0338] 상기 (13A－a)~(13A－e) 및 (13B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0339] 상기 (13A－a)~(13A－e) 및 (13B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 30kDa~70kDa, 바람직하게는 분자량 40kDa~60kDa, 더욱 바람직하게는 분자량 45kDa~55kDa 부근, 및 등전점 3.0~7.0, 바람직하게는 등전점 3.0~6.0, 더욱 바람직하게는 등전점 4.0~5.5의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0340] 바람직하게는, 스포트 13의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0341] (14) 스포트 14의 항원

[0342] 스포트 14에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 서열번호 145~149의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0343] 또한, 스포트 14에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터(서열번호 145~149)를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, L－락테이트데히드로게나아제 A 체인-라이크(L-lactate dehydrogenase A chain-like)(아미노산 서열 : 서열번호 144, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 143)인 것이 동정되었다. 서열번호 145는 서열번호 144의 아미노산 119~126, 서열번호 146은 서열번호 144의 아미노산 7~22, 서열번호 147은 서열번호 144의 아미노산 9~22, 서열번호 148은 서열번호 144의 아미노산 270~278, 서열번호 149는 서열번호 144의 아미노산 91~118에 각각 상당한다.

[0344] 따라서, 본원에 있어서 스포트 14의 항원은, 이하 (14A－a)~(14A－e) 및 (14B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0345] (14A－a) 서열번호 144에 있어서 1 또는 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0346] (14A－b) 서열번호 144로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0347] (14A－c) 서열번호 143에 있어서 1 또는 수 개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의

해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0348] (14A-d) 서열번호 143으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0349] (14A-e) 서열번호 143으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0350] (14B) 서열번호 144~149로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 중 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5종 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 144~149 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0351] 상기 (14A-a)~(14A-e) 및 (14B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄수식, 아미노 아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0352] 상기 (14A-a)~(14A-e) 및 (14B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기 영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20kDa~50kDa, 바람직하게는 분자량 30kDa~50kDa, 더욱 바람직하게는 분자량 30kDa~40kDa 부근, 및 등전점 5.0~9.0, 바람직하게는 등전점 6.0~8.0, 더욱 바람직하게는 등전점 6.5~7.5의 스포트로서 나타나는 단백질이어도 된다.

[0353] 바람직하게는, 스포트 14의 항원인 단백질은, 생선에 대한 알레르기의 항원이다.

[0354] 본 명세서에 있어서, 아미노산 서열에 대하여 「1 혹은 수 개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되었다」라고 하는 경우는, 대상이 되는 아미노산 서열에 있어서, 1개 혹은 수 개의 아미노산(예를 들면, 아미노산 서열의 전체 길이에 대하여 30%, 바람직하게는 25%, 20%, 15%, 10%, 5%, 3%, 2% 또는 1%의 아미노산)이 결실되어 있거나, 다른 아미노산에 치환되어 있거나, 다른 아미노산이 삽입되어 있거나, 및/또는 다른 아미노산이 부가되어 있는 아미노산 서열을 말한다.

[0355] 상기 중, 치환은, 바람직하게는 보존적 치환이다. 보존적 치환이란, 특정의 아미노산 잔기를 유사한 물리 화학적 특징을 가지는 잔기로 치환하는 것이나, 원래의 서열의 구조에 관한 특징을 실질적으로 변화시키지 않으면 어떠한 치환이어도 되고, 예를 들면, 치환 아미노산이, 원래의 서열에 존재하는 나선을 파괴하거나, 원래의 서열을 특징짓는 다른 종류의 2차 구조를 파괴하거나 하지 않으면 어떠한 치환이어도 된다. 이하에, 아미노산 잔기의 보존적 치환에 관하여 치환 가능한 잔기 마다 분류하여 예시하지만, 치환 가능한 아미노산 잔기는 이하에 기재되어 있는 것에 한정되는 것은 아니다.

[0356] A군 : 로이신, 이소로이신, 바린, 알라닌, 메티오닌

[0357] B군 : 아스파라긴산, 글루타민산

[0358] C군 : 아스파라긴, 글루타민

[0359] D군 : 리진, 아르기닌,

[0360] E군 : 세린, 트레오닌

[0361] F군 : 페닐알라닌, 티로신

[0362] 비보존적 치환의 경우는, 상기 종류 중, 어느 1개의 멤버(member)와 다른 종류의 멤버를 교환할 수 있다. 예를 들면, 부주의한 당쇄수식을 배제하기 위해서 상기의 B, D, E군의 아미노산을 그 이외의 군의 아미노산으로 치환해도 된다. 또는, 3차 구조에서 단백질 안으로 접어지는 것을 방지하기 위해서 시스테인을 결실시키거나, 다른 아미노산으로 치환해도 된다. 혹은, 친수성/소수성의 밸런스가 유지되도록, 또는 합성을 용이하게 하기 위해서 친수도(親水度)를 올리도록, 아미노산에 관한 소수성/친수성의 지표인 아미노산의 하이드로퍼씨(hydropathy) 지수(J. Kyte 및 R. Doolittle, J. Mol. Biol., Vol.157, p.105-132, 1982)를 고려하여, 아미노산을 치환해도 된다.

[0363] 본 명세서에 있어서, 2개의 아미노산 서열의 동일성%는, 시각적 검사 및 수학적 계산에 의해 결정할 수 있다. 또한, 컴퓨터 프로그램을 사용하여 동일성%를 결정할 수도 있다. 그와 같은 컴퓨터 프로그램으로서는, 예를 들면, BLAST 및 ClustalW 등을 들 수 있다. 특히, BLAST 프로그램에 의한 동일성 검색의 각종 조건(파라미터)은,

Altschul 등(Nucl. Acids. Res., 25, p.3389-3402, 1997)에 기재된 것으로, 미국 바이오테크놀로지 정보 센터(NCBI)나 DNA Data Bank of Japan(DDBJ)의 웹 사이트로부터 공적으로 입수할 수 있다(BLAST 메뉴얼, Altschul 등 NCB/NLM/NIH Bethesda, MD 20894；Altschul 등). 또한, 유전 정보 처리 소프트웨어 GENETYX Ver.7(제네틱스), DINASIS Pro(히타치 소프트), Vector NTI(Infomax) 등의 프로그램을 사용하여 결정할 수도 있다.

[0364] 본 명세서에 있어서, 염기 서열에 관하여 「1 혹은 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되었다」라고 하는 경우는, 대상이 되는 염기 서열에 있어서, 1개 혹은 수개의 뉴클레오티드(예를 들면, 염기 서열의 전체 길이에 대하여 30%, 바람직하게는 25%, 20%, 15%, 10%, 5%, 3%, 2% 또는 1%의 아미노산)가 결실되어 있거나, 다른 뉴클레오티드로 치환되어 있거나, 다른 뉴클레오티드가 삽입되어 있거나, 및/또는 다른 뉴클레오티드가 부가되어 있는 염기 서열을 말한다. 상기 뉴클레오티드의 결실, 치환, 삽입 혹은 부가에 의해, 아미노산을 코드하는 서열에 프레임 시프트를 발생하지 않는 것이 바람직하다.

[0365] 본 명세서에 있어서, 2개의 염기 서열의 동일성%는, 시각적 검사 및 수학적 계산에 의해 결정할 수 있다. 또한, 컴퓨터 프로그램을 사용하여 동일성%를 결정할 수도 있다. 그와 같은 서열 비교 컴퓨터 프로그램으로서는, 예를 들면, 미국 국립 의학 라이브러리의 웹 사이트：http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/bl2seq/bls. html로부터 이용할 수 있는 BLASTN 프로그램(Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215: 403-10)：버젼 2.2.7, 또는 WU-BLAST2.0 알고리즘 등을 들 수 있다. WU-BLAST2.0에 관한 표준적인 디폴트 파라미터의 설정은, 이하의 인터넷 사이트：http://blast.wustl.edu에 기재되어 있는 것을 사용할 수 있다.

[0366] 본 명세서에 있어서의 「스트린젠트한 조건 하」란, 중간 정도 또는 고도로 스트린젠트한 조건에 있어서 하이브리다이즈한 것을 의미한다. 구체적으로는, 중간 정도로 스트린젠트한 조건으로서는, 예를 들면, DNA의 길이에 근거하여, 일반적인 기술을 갖는 당업자에 의해, 용이하게 결정하는 것이 가능하다. 기본적인 조건은, Sambrook 등, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 제3판, 제6-7장, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001에 나타나 있다. 바람직하게는, 중간 정도로 스트린젠트한 조건은, 하이브리다이제이션 조건으로서, 1×SSC~6×SSC, 42℃~55℃의 조건, 보다 바람직하게는, 1×SSC~3×SSC, 45℃~50℃의 조건, 가장 바람직하게는, 2×SSC, 50℃의 조건을 들 수 있다. 하이브리다이제이션 용액 중에, 예를 들면, 약 50%의 폼아미드를 포함하는 경우에는, 상기 온도보다도 5 내지 15℃ 낮은 온도를 채용한다. 세정 조건으로서는, 0.5×SSC~6×SSC, 40℃~60℃를 들 수 있다. 하이브리다이제이션 및 세정 시에는, 일반적으로, 0.05%~0.2%, 바람직하게는 약 0.1%SDS를 첨가해도 된다. 고도로 스트린젠트한 조건도 또한, 예를 들면 DNA의 길이에 근거하여, 당업자에 의해, 용이하게 결정하는 것이 가능하다. 일반적으로, 고도로 스트린젠트(하이 스트린젠트)인 조건으로서는, 중간 정도로 스트린젠트한 조건보다도 높은 온도 및/또는 낮은 염 농도에서의 하이브리다이제이션 및/또는 세정을 포함한다. 예를 들면, 하이브리다이제이션 조건으로서, 0.1×SSC~2×SSC, 55℃~65℃의 조건, 보다 바람직하게는, 0.1×SSC~1×SSC, 60℃~65℃의 조건, 가장 바람직하게는, 0.2×SSC, 63℃의 조건을 들 수 있다. 세정 조건으로서, 0.2×SSC~2×SSC, 50℃~68℃, 보다 바람직하게는, 0.2×SSC, 60~65℃를 들 수 있다.

[0367] 항원은, 생선으로부터 당업자에게 주지된 단백질 정제 방법을 조합하여 분리·정제함으로써 얻어도 된다. 또는, 항원은, 당업자에게 주지된 유전자 재조합 기술에 의해 항원을 재조합 단백질로서 발현시키고, 그리고 당업자에게 주지된 단백질 정제 방법에 의해 분리·정제함으로써 얻어도 된다.

[0368] 단백질의 정제 방법으로서는, 예를 들면, 염석, 용매 침전법 등의 용해도를 이용하는 방법, 투석, 한외여과, 겔여과, SDS-PAGE 등 분자량의 차(差)를 이용하는 방법, 이온 교환 크로마토그래피나 히드록시어퍼타이트 크로마토그래피 등의 하전(荷電)을 이용하는 방법, 어피니티(affinity) 크로마토그래피 등의 특이적 친화성을 이용하는 방법, 역상(逆相) 고속 액체 크로마토그래피 등의 소수성의 차를 이용하는 방법, 등전점 전기영동 등의 등전점의 차를 이용하는 방법 등을 들 수 있다.

[0369] 유전자 재조합 기술에 의한 단백질의 조제는, 항원을 코드하는 핵산을 포함하는 발현 벡터를 조제하고, 해당 발현 벡터를 적절한 숙주 세포 중에 유전자 도입 또는 형질 전환에 의해 도입하고, 해당 숙주 세포를 재조합 단백질의 발현에 적절한 조건 하에서 배양하고, 그리고 해당 숙주 세포 중에서 발현된 재조합 단백질을 회수함으로써 실시된다.

[0370] 「벡터」는, 그것에 연결시킨 핵산을 숙주 세포 내에 도입하기 위해 사용하는 것이 가능한 핵산이며, 「발현 벡터」는 벡터에 의해 도입된 핵산이 코드되는 단백질의 발현을 유도하는 것이 가능한 벡터이다. 벡터에는, 플라스미드(plasmid) 벡터, 바이러스 벡터 등이 포함된다. 당업자는, 사용하는 숙주 세포의 종류에 따라, 재조합 단백질의 발현에 적절한 발현 벡터를 선택할 수 있다. 정제를 용이하게 하기 위해서, His×6 잔기 등의 어피니티

태그를 포함하도록 해도 된다. 또한, 시그널 서열을 포함하여 세포 바깥으로 배출되도록 합성해도 된다.

[0371] 「숙주 세포」는, 벡터에 의해 유전자 도입 또는 형질 전환을 받는 세포이다. 숙주 세포는, 사용되는 벡터에 따라 당업자가 적절히 선택할 수 있다. 숙주 세포는, 예를 들면, 대장균(E. coli) 등의 원핵생물 유래인 것이 가능하다. 대장균과 같은 원핵세포를 숙주로서 사용하는 경우, 본 발명의 항원은, 원핵세포 내에서의 재조합 단백질의 발현을 용이하게 하기 위해 N말단 메티오닌 잔기를 포함하도록 해도 된다. 이 N말단 메티오닌은, 발현 후에 재조합 단백질로부터 떼어낼 수도 있다.혹은, 효모 등의 단세포 진핵생물, 식물 세포, 동물 세포(예를 들면, 사람 세포, 원숭이 세포, 햄스터 세포, 래트 세포, 마우스 세포 또는 곤충 세포) 등의, 진핵생물 유래의 세포나 누에인 것이 가능하다.

[0372] 발현 벡터의 숙주 세포에의 유전자 도입 또는 형질 전환은, 당업자에게 공지된 방법에 의해 적절히 실시할 수 있다. 또한, 당업자는, 숙주 세포의 종류에 따라 재조합 단백질의 발현에 적절한 조건을 적절히 선택하여, 숙주 세포를 배양함으로써 재조합 단백질을 발현시킬 수 있다. 그리고, 재조합 단백질을 발현한 숙주 세포를 호모지나이즈(homogenize)하고, 얻어진 호모지네이트(homogenate)로부터 상술한 단백질의 정제 방법을 적절히 조합하여 실시함으로써, 재조합 단백질로서 발현된 항원을 분리·정제할 수 있다.

[0373] 진단 키트·진단 방법

[0374] 본 발명은, 대상의 생선 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법으로서, 이하의 공정 :

[0375] (i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는, 여기서 해당 시료는 IgE 항체가 포함되는 용액인 ;

[0376] (ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합을 검출하는 ;

[0377] (iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 생선 알레르기인 것의 지표가 제공되는 ;

[0378] 을 포함하고, 여기서 해당 항원은 상기 (1)~(9)의 항원으로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원으로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법을 제공한다.

[0379] 대상으로부터 얻어진 시료란, 대상으로부터 채취된 IgE 항체가 포함되는 용액이다. 그와 같은 용액에는, 예를 들면, 혈액, 타액, 가래, 콧물, 소변, 땀, 눈물이 포함된다. 대상으로부터 얻어진 시료는, 항원에 접촉시키기 전에, 시료 중의 Ig항체 농도를 높이기 위한 전처리(前處理)가 되어 있어도 된다. 시료의 전처리로서는, 예를 들면 혈액으로부터 혈청, 혈장을 얻는 것이 포함되어도 된다. 또한, 항원과의 결합부분인 Fab 부분을 정제해도 된다. 특히 바람직한 양태에 있어서, 상기 공정(i)은, 대상으로부터 얻어진 혈청 중의 IgE 항체와 항원을 접촉시킴으로써 실시된다.

[0380] IgE 항체는, IgE 항체 그 자체이어도 되고, IgE 항체가 결합된 비만세포 등이어도 된다.

[0381] 대상으로부터 얻어진 시료와 항원과의 접촉 및 그 결합의 검출은, 기지(旣知)의 방법에 의해 실시하는 것이 가능하다. 그와 같은 방법에는, 예를 들면, ELISA(Enzyme-Linked Immunosorvent Assay), 샌드위치 면역 측정법, 이무노블로트법, 면역 침강법, 이무노크로마토(immunochromato)법에 의한 검출을 이용할 수 있다. 이들은 모두, 항원에 대상의 IgE 항체를 접촉시켜 결합시키고, 항원에 특이적으로 결합된 IgE 항체를 검출하는 방법이다. 예를 들면, 효소 표식(標識)한 2차 항체를 작용시키고, 효소의 기질(통상은 발색 혹은 발광 시약)을 첨가하여 효소 반응의 생성물을 검출하는 방법, 비오틴 표식한 2차 항체를 작용시키고, 아비딘 결합 색소를 첨가하여 색소를 검출하는 방법, 형광 표식한 2차 항체를 검출하는 방법 등을 들 수 있다. 혹은, 표면 플라즈몬 공명(SPR) 등의, 항원과 IgE 항체의 결합을 평가 가능한 측정 방법에 의한 검출을 이용할 수도 있다. 복수종의 항원 특이적 IgE 항체가 혼합되고 있어도 된다.

[0382] 항원은, 단리(單離)된 항원이 담체에 고정되어 있는 상태이어도 된다. 이 경우는 상기 공정(i) 및 (ii)에 있어서 ELISA, 샌드위치 면역 측정법, 이무노크로마토법, 표면 플라즈몬 공명 등을 이용할 수 있고, 또한, 상기 공정(i)에서는, 대상으로부터 얻어진 시료를 항원을 고정한 면에 접촉시킴으로써 실시한다. 단리된 항원은, 생선으로부터 당업자에게 주지(周知)인 단백질 정제 방법을 조합하여 분리·정제함으로써, 또는 유전자 재조합 기술에 의해 조제함으로써 얻어도 된다. 또한, 항원을 결합하는 항체가 고정되어 있는 상태이어도 된다.

[0383] 항원은 담체에 고정되어 있지 않은 상태이어도 된다. 이 경우는, 상기 공정(i) 및 (ii)에 있어서, 플로우 사이토메트리(flow cytometry) 등을 이용할 수 있고, 레이저광에 의해 항체가 결합된 항원의 존재를 확인할 수 있다. 예를 들면, 항원이 항체와 결합되어, 시료 중의 호염기구를 활성화하면 발현되는 표면 항원 CD203c의 양을 측정하는 호염기구 활성화 시험(BAT) 등을 들 수 있다. 또한, 항원을 시료 중의 항체와의 결합을 통하여 혈

구(血球)에 접촉시킴으로써, 히스타민을 유리(遊離)할지를 조사하는 히스타민 유리 시험(遊離試驗)(HRT)도 들 수 있다.

[0384] 또한, 항원은 2차원 전기 영동에 의해 분리된 상태로부터 전사되어 이무노블로트법에 의한 검출을 실시해도 된다. 2차원 전기 영동은, 1차원째에 등전점 전기 영동, 2차원째에 SDS-PAGE(SDS-폴리아크릴 아미도겔 전기 영동)를 실시함으로써, 단백질 시료를 분리하는 방법이다. 이 경우, 2차원 전기 영동의 조건은, 본원발명의 항원을 분리할 수 있는 조건이면 특별히 한정되지 않는다. 예를 들면, 상기 「항원의 특정」의 항목에서 기재한 2차원 전기 영동의 조건을 이용할 수 있다. 혹은, 상술의 특허문헌 1~4의 기재를 참고로 하여 전기 영동의 조건을 정할 수도 있고, 예를 들면, 이하 :

[0385] (A) 1차원째의 등전점 전기 영동 겔로서, 겔 길이가 5~10cm의 범위 내로서, 겔의 pH 범위가 3~10이며, 영동방향에 대한 겔의 pH구배가, pH5까지의 겔 길이를 a, pH5~7의 겔 길이를 b, pH7 이상의 겔 길이를 c로 한 경우에 있어서, 「a<b] 및 「b>c」의 관계를 만족하는 ;

[0386] (B) (A)의 경우로서, 겔의 전체 길이를 1로 한 경우, a가 0.15~0.3의 범위 내, b가 0.4~0.7의 범위 내, c가 0.15~0.3의 범위 내인 ;

[0387] (C) 1차원째의 등전점 전기영동에 있어서, 검체를 포함하는 겔 1개에 대하여 100V~600V의 범위 내의 값의 정전압의 인가에 의한 정전압 공정을 실시하고, 영동 30분 당의 영동 변화폭이 5μA의 범위 내가 된 후에 상기 정전압으로부터 전압을 상승시키는 전압 상승 행정을 시작하는 ;

[0388] (D) (C)의 경우에, 전압 상승 공정의 최종 전압을 3000V~6000V의 범위 내로 하는 ;

[0389] (E) 1차원째의 등전점 전기영동 겔의 긴 방향의 겔 길이가 5~10cm이며, 2차원째 전기영동 겔의 영동 방향 기단부(基端部)의 겔 농도를 3~6%로 하는 ; 및

[0390] (F) (E)의 경우에, 2차원째 전기영동 겔의 영동 방향 선단측의 부분의 겔 농도가, 영동 방향 기단부의 겔 농도보다 높게 설정하는 ;

[0391] 으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 적어도 하나를 만족하는 조건에서 2차원 전기영동을 실시할 수 있다.

[0392] 상기 (1)~(9)의 항원 또는 상기 (10)~(14)의 항원은, 생선에 대한 알레르기의 환자의 IgE 항체와 특이적으로 결합되는 항원이다. 따라서, 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 생선에 대한 알레르기인 것의 지표가 제공된다.

[0393] 본 발명은 또한, 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나를 포함하는 생선에 대한 알레르기의 진단 키트를 제공한다. 본 발명의 진단 키트는, 상기의 생선에 대한 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법, 또는 하기의 진단 방법에 사용해도 된다. 본 발명의 진단 키트는, 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나를 포함하는 것 외에 효소 표식된 항IgE 항체 및 해당 효소의 기질이 되는 발색 기질 혹은 발광 기질, 또는 비오틴 표식된 항IgE 항체 및 해당 비오틴과 결합되는 아비딘 결합 색소를 포함하고 있어도 된다. 또한, 형광 표식된 항IgE 항체를 사용해도 된다. 본 발명의 진단 키트에 있어서, 항원은 담체에 고정화된 상태로 제공되어도 된다. 본 발명의 진단 키트는 또한, 진단을 위한 순서에 대한 설명서나 해당 설명을 포함하는 패키지와 함께 제공되어도 된다.

[0394] 다른 태양에 있어서, 상기의 진단 키트는, 생선에 대한 알레르기에 관한 컴퍼니언 진단약을 포함한다. 컴퍼니언 진단약이란, 의약품의 효과가 기대되는 환자의 특정 또는 의약품의 위중한 부작용 리스크를 가지는 환자의 특정, 혹은 의약품을 사용한 치료의 최적화를 위해서 해당 의약품의 반응성을 검토하기 위해 사용하는 것이다. 여기서 치료의 최적화란, 예를 들면, 용법 용량의 결정이나 투여 중지의 판단, 어느 알레르겐 컴퍼넌트를 사용하여 면역 관용할지의 확인 등이 포함된다.

[0395] 본 발명은 또한, 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나를 포함하는 생선에 대한 알레르기의 진단용 조성물을 제공한다. 본 발명의 진단용 조성물은, 하기의 진단 방법에 사용할 수 있다. 본 발명의 진단용 조성물은, 필요에 따라 본 발명의 항원과 함께 일반적으로 사용되는, 약학적으로 허용되는 담체나 첨가제를 포함하고 있어도 된다.

[0396] 일 태양에 있어서, 본 발명은, 대상의 생선에 대한 알레르기를 진단하는 방법으로서, 이하의 공정 :

[0397] (i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는 ;

[0398] (ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합을 검출하는 ;

[0399] (iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 생선에 대한 알레르기이라고 판단하는 ;

[0400] 것을 포함하고, 여기서 해당 항원은 상기 (1)~(9)의 항원으로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원으로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법을 제공한다. 여기에 있어서 (i) 및 (ii)의 각 공정은, 생선에 대한 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법의 각 공정에 관하여 설명한 바와 같이 실시된다.

[0401] 다른 태양에 있어서, 본 발명은, 대상의 생선에 대한 알레르기를 진단하는 방법으로서, 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나를 대상으로 투여하는 것을 포함하는, 상기 방법을 제공한다. 해당 방법은, 피부에 항원을 적용하는 것을 특징으로 하는 피부 테스트의 형식으로 실시해도 된다. 피부 테스트에는, 피부 상에 진단용 조성물을 적용한 후에, 출혈되지 않을 정도로 미소한 상처를 냄으로써 피부에 항원을 침투시켜 피부 반응을 관찰하는 프릭 테스트(prick test), 진단용 조성물을 적용한 후에 피부를 조금 세게 긁어 반응을 관찰하는 스크래치 테스트, 크림이나 연고등의 형태의 진단용 조성물을 피부에 적용하여 반응을 관찰하는 패치 테스트, 항원을 피내(皮內)에 투여하여 반응을 관찰하는 피내 테스트등의 형태가 포함된다. 프릭 테스트나 스크래치 테스트에 있어서 피부에 진단용 조성물을 침투시키는 방법으로서는, 런 세트의 선단(先端)을 진단용 조성물에 접촉하고, 그 접촉 부위를 피부에 찌름으로써 상처를 내어 침투시키는 방법이어도 된다. 항원을 적용한 부분의 피부에 붓기 등의 피부 반응이 발생된 경우, 그 대상은 생선에 대한 알레르기를 가진다고 진단한다. 여기서, 피부에 적용하는 항원의 양은, 예를 들면, 1회당 100㎍ 이하의 용량이어도 된다.

[0402] 알레르기의 진단에 있어서는, 항원의 특정을 목적으로 한 부하 시험이 자주 실시되고 있다. 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나는, 생선에 대한 알레르기인 것을 진단하기 위한 부하 시험의 유효 성분으로서 사용할 수 있다. 여기서, 부하 시험에 사용되는 항원 단백질로서는, 발현 정제한 단백질이어도 되고, 예를 들면, 벼에 삼나무 화분(花粉) 항원의 유전자를 형질 전환하고, 그 항원 단백질을 쌀 중에 발현시킨 화분미(花粉米)와 같이, 식품·식재에 있어서 발현시킨 것이어도 된다.

[0403] 또 다른 태양에 있어서, 본 발명은 생선에 대한 알레르기의 진단에 사용하기 위한 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나를 제공한다. 여기서, 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나를, 기존의 항원과 혼합하여 제공하는 것도 포함한다.

[0404] 또 다른 태양에 있어서, 본 발명은 생선에 대한 알레르기의 진단약의 제조를 위한 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나의 사용을 제공한다.

[0405] 의약 조성물·치료 방법

[0406] 본 발명은, 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나를 포함하는 의약 조성물을 제공한다.

[0407] 일 태양에 있어서, 상기의 의약 조성물은, 생선에 대한 알레르기를 치료하기 위해 사용된다.

[0408] 본 발명은 또한, 생선에 대한 알레르기의 치료를 필요로 하는 환자에 대하여, 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나를 투여하는 것을 포함하는, 생선에 대한 알레르기를 치료하는 방법을 제공한다.

[0409] 다른 태양에 있어서, 본 발명은 생선에 대한 알레르기의 치료에 사용하기 위한 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나를 제공한다. 또 다른 태양에 있어서 본 발명은, 생선에 대한 알레르기의 치료약의 제조를 위한 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나의 사용을 제공한다.

[0410] 알레르기의 치료에 있어서는, 환자에게 항원을 투여함으로써 면역 관용으로 유도하는 것을 목표로 한, 감감작 요법(減感作療法)이 자주 실시되고 있다. 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나는, 생선에 대한 알레르기에 대한 감감작 요법을 위한 유효 성분으로서 사용할 수 있다. 여기서, 감감작 요법에 사용되는 항원 단백질로서는, 발현 정제한 단백질이어도 되고, 예를 들면, 벼에 삼나무 화분 항원의 유전자를 형질 전환하고, 그 항원 단백질을 쌀 중에 발현시킨 화분미와 같이, 식품·식재에서 발현시킨 것이어도 된다.

[0411] 본 발명의 의약 조성물은, 통상의 투여 경로에 의해 투여할 수 있다. 통상의 투여 경로에는 예를 들면, 경구(經

口), 설하(舌下), 경피(經皮), 피내(皮內), 피하(皮下), 혈액내(血液內), 비강내(鼻腔內), 근육내(筋肉內), 복강내(腹腔內), 직장내(直腸內)의 투여가 포함된다.

[0412] 본 발명의 의약 조성물은, 필요에 따라 본 발명의 항원과 함께, 일반적으로 사용되는 약학적으로 허용되는 아쥬번트(adjuvant), 부형제(賦形劑), 또는 각종의 첨가제(예를 들면 안정제, 용해보조제, 유탁화제, 완충제, 보존제, 착색제 등)를 상법(常法)에 의해 첨가한 의약 조성물로서 사용할 수 있다. 의약 조성물의 제형은, 투여 경로에 따라 당업자가 적절히 선택할 수 있다. 예를 들면, 정제, 캡슐제, 트로키(troche), 설하정(舌下錠), 주사제, 비강내 분무제, 파프(PAP)제, 액제(液劑), 크림제, 로션제, 좌제(坐劑) 등의 형태이어도 된다. 본 발명의 의약 조성물의 투여량, 투여 회수 및/또는 투여 기간은, 투여 경로, 증상, 연령이나 체중 등의 환자의 특성 등에 따라 의사가 적절히 선택할 수 있다. 예를 들면, 성인의 경우, 1회당 100μg 이하의 용량으로 투여해도 된다. 투여 간격은, 예를 들면, 매일, 매주 1회, 월에 2회, 또는 3개월에 1회 정도이어도 된다. 투여 기간은 예를 들면, 수 주간에서 수 년이어도 된다. 투여 기간 내에 있어서, 투여량을 단계적으로 증가시키는 투여 방법이어도 된다.

[0413] 테스터

[0414] 본 발명은, 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나에 대한 항체를 포함하는 테스터를 제공한다.

[0415] 해당 항체는, 상법에 의해 제작할 수 있다. 예를 들면, 토끼 등의 포유동물을 상기 (1)~(9)의 항원 또는 상기 (10)~(14)의 항원으로 면역함으로써 제작해도 된다. 해당 항체는, Ig항체, 폴리크로날 항체, 모노크로날 항체, 또는 그들의 항원 결합 프래그먼트(fragment)(예를 들면, Fab, $F(ab')_2$, Fab')이어도 된다.

[0416] 또한, 상기의 테스터에 있어서, 해당 항체는 담체에 결합된 형태로 제공되어 있어도 된다. 담체는, 항체와 항원의 결합의 검출에 이용 가능한 담체이면 특별히 한정되지 않는다. 당업자에게 공지된 임의의 담체를 이용할 수 있다.

[0417] 항원 함유의 유무를 조사하는 방법으로서는, 예를 들면, 이하의 방법을 들 수 있다.

[0418] · 제작한 IgE 항체를 포함하는 테스터를 식품·식재 등으로부터 얻어진 시료에 접촉시키고, 예를 들면 ELISA법 등을 이용하여 해당 IgE 항체와 시료 중의 항원과의 결합을 검출하고, 해당 IgE 항체와 항원과의 결합이 검출된 경우에, 대상 식품·식재 등에 해당 항원이 잔류되어 있다고 판단하는 방법.

[0419] · 식품·식재 등으로부터 단백질을 추출하고, 전기 영동하여 항원의 스포트 밴드가 있는지를 항체에 의해 검출하는 방법.

[0420] · 여과지 등에 식품·식재 등을 스며들게 하고, 그것에 포함되는 항원을 검출하도록, 항체 용액을 반응시키는 방법.

[0421] 본 발명의 다른 태양에 있어서, 서열번호 1, 4, 9, 18, 25, 32, 42, 55, 60, 69, 109, 120, 137 또는 143으로 나타내는 염기 서열 중 적어도 1개의 일부와 상보적인 염기 서열을 가지는 프라이머를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 생선에 대한 알레르기의 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터를 포함한다. 비한정적으로, 상기 프라이머는 예를 들면, 서열번호 1, 4, 9, 18, 25, 32, 42, 55, 60, 69, 109, 120, 137 또는 143으로 나타내는 염기 서열 중 적어도 1개의 서열의 일부의 3' 말단 또는 중앙 부분의 서열의, 바람직하게는, 12 잔기, 15 염기, 20 염기, 25 염기와 상보적인 염기 서열을 가진다. 특히 mRNA를 대상으로 하는 경우는, 폴리 A 테일의 상보 프라이머를 가진다. 바람직한 태양에 있어서, 상기의 프라이머를 포함하는 테스터는, 또한 서열번호 1, 4, 9, 18, 25, 32, 42, 55, 60, 69, 109, 120, 137 또는 143으로 나타내는 염기 서열 중 적어도 1개의 서열의 5' 말단의 부분의 염기 서열, 바람직하게는 12 염기, 15 염기, 20 염기, 25 염기로 이루어지는 염기 서열을 포함하는 프라이머를 포함해도 된다.

[0422] 예를 들면, 생선으로부터 얻어진 DNA 또는 mRNA를 주형(鑄型)으로 하여, 상기 프라이머를 사용하고, RT-PCR를 포함하는 PCR(Polymerase Chain Reaction)로 DNA 또는 cDNA를 증폭하고, 증폭된 DNA 또는 cDNA의 서열을 서열번호 1, 4, 9, 18, 25, 32, 42, 55, 60, 69, 109, 120, 137 또는 143과 비교함으로써, 항원의 유무를 판단한다. mRNA를 PCR로 증폭하는 방법은, RACE법 등을 예시할 수 있다. 이 때, 증폭된 DNA 또는 cDNA와 서열번호 1, 4, 9, 18, 25, 32, 42, 55, 60, 69, 109, 120, 137 또는 143과의 비교에 있어서, 동일한 아미노산을 코드하는 점변이(点變異)가 존재하는 경우, 또는, 증폭된 DNA 또는 cDNA의 염기 서열에 있어서, 서열번호 1, 4, 9, 18, 25, 32, 42, 55, 60, 69, 109, 120, 137 또는 143의 염기 서열에 대한 염기의 삽입, 결실, 치환 혹은

부가가 존재해도, 해당 DNA 또는 cDNA가 코드되는 아미노산 서열이 서열번호 2, 5, 10, 19, 26, 33, 43, 56, 61, 70, 110, 121, 138 또는 144의 아미노산 서열에 대하여 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 80, 90, 95, 98, 99% 이상이 되는 경우는, 항원이 존재한다고 판단한다.

[0423] 일 태양에 있어서, 상기의 테스터는, 식재(생선 혹은 생선알(魚卵)) 또는 식품 제조 라인 중 등의 대상물 중의 항원 함유의 유무를 조사하기 위해 사용된다. 상기 테스터는, 제조업자에 의한 제조 라인 및 출하 전 제품의 품질 검사용으로 사용해도 되고, 끽식자(喫食者) 자신에 의한 대상 식품·식재의 항원 함유의 유무의 체크용으로서 사용해도 된다.

[0424] 알레르겐 제거 식품 등

[0425] 본 발명은, 상기 (1)~(9)의 항원 중 적어도 하나, 또는 상기 (10)~(14)의 항원 중 적어도 하나가 제거 또는 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 생선, 생선알, 해당 생선 혹은 해당 생선알 가공품, 또는 해당 생선알을 낳는 혹은 해당 생선알으로부터 태어난 생선을 제공한다.

[0426] 생선, 생선알, 해당 생선 혹은 해당 생선알 가공품, 또는 해당 생선알을 낳는 혹은 해당 생선알으로부터 태어난 생선에 있어서, 본 발명의 항원을 제거 또는 저감하는 방법은 한정되지 않는다. 항원의 제거 또는 저감은, 본 발명의 항원이 제거 또는 저감되는 한, 어떠한 방법에 의해 실시해도 된다.

[0427] 예를 들면, 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 생선 또는 생선알은, 유전자 녹아웃(knock-out) 기술을 이용하여, 본 발명의 항원의 발현이 녹아웃된 생선 또는 생선알을 조제(調製)해도 된다.

[0428] 유전자 녹아웃 기술은, 당업자에게 공지된 방법 중 어느 하나를 사용할 수 있다. 예를 들면, Oishi, et al.(Scientific Reports, Vol.6, Article number: 23980, 2016, doi:10.1038/srep23980)는, 게놈 편집 기술인 CRISPER/Cas9를 시원(始原) 생식 세포에 적용하여, 알레르겐 단백질 유전자 결실 개체를 얻는 것을 기재하고 있다. 동일한 방법을 이용하여, 본 발명의 항원이 제거된 생선 또는 생선알을 얻어도 된다. 또한, 항원을 함유하지 않는 또는 함유량이 적은 생선 또는 생선알과의 인공 수정에 의한 교배에 의해, 본 발명의 항원이 제거·저감된 생선 또는 생선알을 얻어도 된다. 생선 또는 생선알의 인공 교배는, 상법에 의해 실시할 수 있다.

[0429] 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 생선 가공품 또는 생선알 가공품은, 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 생선을 원료로 한 가공품이어도 된다. 통상의 생선 또는 생선알을 원료로 하는 경우는, 생선 가공품 또는 생선알 가공품의 조제 전 또는 조제 후에 본 발명의 항원을 제거 또는 저감하는 처리를 실시한다. 통상의 생선 또는 생선알을 원료로 한 생선 가공품 또는 생선알 가공품에 있어서 본 발명의 항원을 제거 또는 저감하는 방법으로서 고압 처리 및 중성염 용액에 의한 용출이나, 고온 스팀 등의, 식품·식재 중의 단백질 성분을 제거하는 방법이나, 열처리 및 산처리에 의한 가수분해·변성·아미노산 변화(측쇄의 화학 수식·이탈 등)하는 방법을 들 수 있다. 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 생선은, 상기 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 생선알을 부화하여, 성장시킨 생선이어도 된다. 또한, 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 생선알은, 상기 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 생선으로부터 얻어진 것이어도 된다.

[0430] **실시예**

[0431] 이하에 본 발명의 실시예를 설명한다. 본 발명의 기술적 범위는, 이들 실시예에 의해서 한정되지 않는다.

[0432] 실시예 1 : 단백질 패턴의 확인

[0433] 하기의 2차원 전기 영동 방법을 사용하여, 연어에 포함되는 단백질을 조사했다.

[0434] 단백질의 추출

[0435] 연어에 포함되는 단백질의 추출 및 정제는 다음과 같이 실시했다. 연어의 몸에, 가용화제(Mammalian Lysis Buffer (MCLI), SIGMA사)를 첨가하여 단백질을 추출한 후, 요소(尿素) 버퍼를 첨가하여 단백질 추출액을 얻었다. 요소 버퍼의 조성은 이하와 같다.

[0436] 30mM Tris

[0437] 2M 티오 요소

[0438] 7M 요소

[0439] 4%(w/v) CHAPS :

[0440] 3-[(3-코라미드프로필)디메틸암모니오]프로판설포네이트

[0441] 적당량의 희염산

[0442] 증류수를 첨가하여 전체를 100mL로 조정했다. pH는 8.5이었다.

[0443] 그 후, 단백질 중량으로서 25μg씩을 혼합하여 추출액을 얻었다.

[0444] 그 후, 2D-CleanUP 키트(GE사제)를 사용하여 2회의 침전 조작을 실시했다. 제1회째의 침전 조작은, 회수한 상기 단백질 추출액에 TCA(트리클로로아세트산)를 첨가하고 침전을 실시하여, 해당 조작으로 발생된 침전(TCA 침전)을 회수했다. 제2회째의 침전 조작은, 회수한 상기 TCA 침전에 아세톤을 첨가하고 침전을 실시하여, 해당 조작으로 얻어진 침전(검체)을 회수했다.

[0445] 검체 용액의 조제

[0446] 얻어진 검체의 일부(단백질 중량으로서 40μg)를, 1차원째 등전점 전기 영동용 겔의 팽윤용 완충액인 DeStreak Rehydration Solution(GE사제) 150μl에 용해하여, 1차원째 등전점 전기 영동용의 검체 용액(팽윤용 검체 용액)으로 했다. DeStreak Rehydration Solution의 조성은 이하와 같다.

[0447] 7M 티오 요소

[0448] 2M 요소

[0449] 4%(w/v) CHAPS

[0450] 0.5%(v/v) IPG 버퍼 ; GE사제

[0451] 적당량의 BPB(브로모페놀 블루)

[0452] 1차원째 등전점 전기 영동용 겔에의 검체의 침투

[0453] 1차원째 등전점 전기영동용 겔(GE사제 : IPG 겔 Immobiline Drystrip (pH3-10NL))를 상기한 1차원째 등전점 전기영동용의 검체 용액(팽창용 검체 용액) 140μl에 침지하고, 하룻밤 실온에서 침투시켰다.

[0454] 본 실시예에 있어서는, 전기영동 기기로서 GE사제의 IPGphor를 사용했다.

[0455] 영동 트레이(tray)에 실리콘 오일을 채웠다. 검체를 침투시킨 겔의 양단(兩端)에 물로 적신 여과지를 설치하고, 겔을 실리콘 오일에 덮이도록, 영동 트레이에 세트하고, 겔과의 사이에 해당 여과지를 사이에 둔 상태로 전극을 세트했다.

[0456] 등전점 전기영동 기기의 전류값의 상한을 겔 1개 당 75μA로 설정하고, 전압 프로그램을, (1) 300V 정전압으로 750Vhr까지 정전압 공정을 실시하고(해당 공정 종료 전의 영동 30분간의 전류 변화폭이 5μA인), (2) 300Vhr 걸쳐 1000V까지 서서히 전압을 상승시키고, (3) 4500Vhr 걸쳐 5000V까지 서서히 전압을 더 상승시키고, (4) 그 후 5000V 정전압으로 총Vhr가 12000이 될 때까지, 1차원째의 등전점 전기영동을 실시했다.

[0457] 등전점 전기영동 겔의 SDS 평형화

[0458] 상기의 1차원째의 등전점 전기영동을 실시한 후, 등전점 전기영동 기기로부터 겔을 제거하고, 환원제를 포함하는 평형화 완충액에 해당 겔을 침지하여, 15분·실온에서 진탕했다. 상기 환원제를 포함하는 평형화 완충액의 조성은 이하와 같다.

[0459] 100mM Tris-HCl(pH8.0)

[0460] 6M 요소

[0461] 30%(v/v) 글리세롤

[0462] 2%(w/v) SDS

[0463] 1%(w/v) DTT

[0464] 다음으로, 상기 환원제를 포함하는 평형화 완충액을 제거하고, 겔을 알킬화제를 포함하는 평형화 완충액에 침지하고, 15분·실온에서 진탕하여, SDS 평형화한 겔을 얻었다. 상기 알킬화제를 포함하는 평형화 완충액의 조성은 이하와 같다.

[0465] 100mM Tris-HCl(pH8.0)

[0466] 6M 요소

[0467] 30%(v/v) 글리세롤

[0468] 2%(w/v) SDS

[0469] 2.5%(w/v) 요오드아세트아미드

[0470] 2차원째의 SDS-PAGE

[0471] 본 실시예에 있어서는, 전기영동 기기로서 life technologies사제의 XCell SureLock Mini-Cell를 사용했다. 2차원째 영동용 겔은 life technologies사제 NuPAGE 4-12%Bis-Tris Gels를 사용했다. 또한, 이하의 조성의 영동용 완충액을 조제하여, 사용했다.

[0472] 50mM MOPS

[0473] 50mM Tris 염기

[0474] 0.1%(w/v) SDS

[0475] 1mM EDTA

[0476] 또한, 본 실시예에 있어서는 영동용 완충액에 0.5%(w/v)의 아가로오스 S(니폰진사제)와 적당량의 BPB(브로모페놀 블루)를 용해시킨 접착용 아가로오스 용액을 사용했다.

[0477] SDS-PAGE의 웰중을 충분히 상기 영동용 완충액으로 세정한 후, 해당 세정에 사용한 완충액을 제거했다. 다음으로, 웰 안에 충분히 용해시킨 접착용 아가로오스 용액을 첨가했다. 다음으로, SDS 평형화한 겔을 아가로오스 중에 침지시켜, 핀셋으로 SDS 평형화한 겔과 2차원째 영동용 겔을 밀착시켰다. 해당 양(兩) 겔이 밀착된 상태에서 아가로오스가 충분히 굳어진 것을 확인하고, 200V 정전압으로 약 45분간 영동을 실시했다.

[0478] 겔의 형광 염색

[0479] SYPRO Ruby(life technologies사제)를 사용하여 겔의 형광 염색을 실시했다.

[0480] 우선, 사용하는 밀폐 용기를 사전에 98%(v/v)의 에탄올로 충분히 세정했다. SDS-PAGE 기기로부터 영동 후의 2차원째 영동용 겔을 제거하여, 세정한 밀폐 용기에 놓고, 50%(v/v) 메탄올 및 7%(v/v) 아세트산 함유 수용액에 30분간 침지하는 처리를 2회 실시했다. 그 후, 해당 수용액을 물로 치환하여, 10분간 침지했다. 다음으로, 2차원째 영동용 겔을 40ml의 SYPRO Ruby에 침지하고, 실온에서 하룻밤 진탕했다. 다음으로, SYPRO Ruby를 제거하고, 2차원째 영동용 겔을 물로 세정한 후, 10%(v/v) 메탄올 및 7%(v/v) 아세트산 함유 수용액에서 30분간 진탕했다. 또한 해당 수용액을 물로 치환하여, 30분 이상 진탕했다.

[0481] 해석

[0482] 상기 일련의 처리를 실시한 2차원째 영동용 겔을 Typhoon9500(GE사제)를 사용한 형광 이미지의 스캔에 제공했다. 연어의 몸에 포함되는 단백질에 관하여, 2차원 전기 영동의 결과를 도 1a 좌측 도면에 나타낸다. 겔의 사진의 좌측에는, 분자량 마커의 밴드를 볼 수 있고, 밴드의 위치가 특정의 분자량(KDa)을 나타낸다.

[0483] 실시예 2 : 이무노블로트에서의 항원 확인(1)

[0484] 이무노블로트에서의 항원 확인은, 실시예 1에 기재한 순서를 「2차원째의 SDS-PAGE」까지 실시한 후, 이하의 「멤브레인에의 전사」 「이무노블로트」 「해석」의 조작을 함으로써 실시했다.

[0485] 멤브레인(membrane)에의 전사

[0486] 멤브레인에의 전사는, 이하의 전사 장치 및 전사용 완충액을 사용하여 실시했다.

[0487] 전사 장치 : XCell SureLock Mini-Cell 및 XCell II 블롯 모듈(life technologies사제)

[0488] 전사용 완충액 : NuPAGE 트랜스퍼 버퍼(×20) (life technologies사제)를 milliQ수(水)로 20배 희석하여 사용했다.

[0489] 구체적으로는 이하의 순서에 따라 2차원째 영동용 겔 중의 단백질을 멤브레인(PVDF막)에 전사했다.

[0490] (1) PVDF막을, 100% 메탄올에 침지하고, 다음으로 milliQ수에 침지하고, 그 후, 전사용 완충액으로 옮겨서, PVDF막의 친수화 처리를 실시했다.

[0491] (2) 스펀지, 여과지, 2차원째의 SDS-PAGE가 끝난 2차원째 영동용 겔, 친수화 처리가 끝난 PVDF막, 여과지, 스펀지의 순서로 세트하고, 전사 장치 중, 30V 정전압으로 1시간 통전(通電)시켰다.

[0492] 이무노블로트

[0493] 멤브레인의 이무노블로트를, 1차 항체로서 생선에 대한 알레르기를 가지는 환자 1의 혈청 또는 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용해서 실시했다. 이 생선 알레르기의 환자 1은, 생선에 의한 즉시형(卽時型) 알레르기이라고 진단된 환자이다. 또한, 이 환자는, 연어, 전갱이, 붕장어, 감성돔, 고등어, 도미, 대구, 방어에 대하여 알레르기 증상을 발병하고, 프릭 테스트로 양성을 나타냈다.

[0494] 멤브레인의 이무노블로트는, 이하의 순서에 따라 실시했다.

[0495] (1) 전사한 멤브레인을 5% 스킴 밀크/PBST 용액(비이온 계면활성제 Tween 20을 0.1% 포함하는 PBS 버퍼) 중, 실온에서 1시간 진탕했다.

[0496] (2) 1차 항체로서, 5% 혈청/5% 스킴 밀크/PBST 용액 중, 실온에서 1시간 정치(靜置)했다.

[0497] (3) PBST 용액으로 세정했다(5분×3회).

[0498] (4) 2차 항체로서 항히트 IgE-HRP(세이요우와사비페르오키시다제)를 5% 스킴 밀크/PBST 용액으로 5000배로 희석한 용액 중, 실온에서 1시간 정치했다.

[0499] (5) PBST 용액으로 세정했다(5분×3회).

[0500] (6) Pierce Western Blotting Substrate Plus(Thermo사제)로, 5분간 정치했다.

[0501] 해석

[0502] 상기 일련의 처리를 실시한 멤브레인을 Typhoon9500(GE사제)를 사용한 형광 이미지의 스캔에 제공했다.

[0503] 생선 알레르기 환자 1의 혈청을 사용한 이무노블로트를, 대조(對照)인 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 이무노블로트와 비교했다. 연어의 몸에 포함되는 단백질에 관하여 생선 알레르기 환자 1의 혈청을 사용하여 실시한 이무노블로트(도 1a 우측 도면)에 있어서, 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 경우(도 3)와는 상이하고, 또한 공지의 연어 알레르겐 단백질과는 상이한 9개의 스포트가 검출되었다. 검출된 스포트를 이무노블로트 상에 나타낸다(도 1a 우측 도면).

[0504] 상기 9개의 스포트의 분자량 및 등전점은 각각 이하와 같다.

[0505] 스포트 1 : 분자량 90~120kDa, pI3.0~6.0

[0506] 스포트 2 : 분자량 120~160kDa, pI4.0~7.0

[0507] 스포트 3 : 분자량 90~120kDa, pI5.0~8.0

[0508] 스포트 4 : 분자량 90~120kDa, pI6.0~8.0

[0509] 스포트 5 : 분자량 60~90kDa, pI3.0~6.0

[0510] 스포트 6 : 분자량 70~100kDa, pI5.0~7.0

[0511] 스포트 7 : 분자량 40~70kDa, pI4.0~7.0

[0512] 스포트 8 : 분자량 40~70kDa, pI4.0~7.0

[0513] 스포트 9 : 분자량 20~50kDa, pI4.0~7.0

[0514] 실시예 3 : 질량 분석 및 항원의 동정(1)

[0515] 상기 9개의 스포트를 발생시키는 항원에 관하여, 질량 분석에 의한 아미노산 서열의 동정을 실시했다.

[0516] 구체적으로는, 이하의 순서로 단백질의 추출 및 질량 분석을 실시했다.

[0517] (1) 연어의 몸에 관하여, 실시예 1 및 2의 순서에 따라 단백질 추출, 2차원 전기 영동 및 멤브레인 전사를 실시

하고, 0.008% Direct blue/40% 에탄올 · 10% 아세트산으로 진탕에 의해 염색했다.

[0518] (2) 그 후, 40% 에탄올 · 10% 아세트산으로 5분간의 처리를 3회 실시하여 탈색하고, 물로 5분간 세정 후, 건풍(乾風)시켰다.

[0519] (3) 목적의 스포트를 깨끗한 커터날로 잘라내어, 원심 튜브에 넣었다. 50μL의 메탄올로 멤브레인 친수 처리 후, 100μL의 물로 2회 세정 후 원심 제거하여, 20μL의 20mM $NH_4HCO_3$ · 50% 아세토니트릴을 첨가했다.

[0520] (4) 1pmol/μL 리실엔도펩티다아제(WAKO) 1μL를 첨가하고, 37℃에서 60분간 정치한 후, 용액을 새로운 원심 튜브에 회수했다. 20μL의 20mM $NH_4HCO_3$ · 70% 아세토니트릴을 멤브레인에 첨가하고, 실온에서 10분간 담가, 더 회수했다. 0.1% 폼산, 4% 아세토니트릴 10μL로 용해하고, 튜브로 옮겼다.

[0521] (5) 회수한 용액을 감압 건조한 후, A액(0.1% 폼산, 4% 아세토니트릴 용액) 15μl로 용해하여, 질량 분석(ESI-TOF5600, AB Sciex사제)을 실시했다.

[0522] (6) 질량 분석계로부터 얻어진 질량 데이터에 근거하는 단백질의 동정은, NCBI 또는 UniProt를 서치(search)함으로써 실시했다.

[0523] 결과

[0524] 각 스포트에 관하여, 질량 분석을 실시했던바, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0525] 스포트 1 : 서열번호 3으로 나타내는 아미노산 서열

[0526] 스포트 2 : 서열번호 6~8로 나타내는 아미노산 서열

[0527] 스포트 3 : 서열번호 11~17로 나타내는 아미노산 서열

[0528] 스포트 4 : 서열번호 20~24로 나타내는 아미노산 서열

[0529] 스포트 5 : 서열번호 27~31로 나타내는 아미노산 서열

[0530] 스포트 6 : 서열번호 34~41로 나타내는 아미노산 서열

[0531] 스포트 7 : 서열번호 44~54로 나타내는 아미노산 서열

[0532] 스포트 8 : 서열번호 57~59로 나타내는 아미노산 서열

[0533] 스포트 9 : 서열번호 62~68로 나타내는 아미노산 서열

[0534] 또한, 각 스포트에 관하여, 질량 분석계로부터 얻어진 질량 데이터를 스포트 1에 관하여는 NCBI로, 스포트 2~9에 관하여는 UniProt로 해석했던바, 각각의 스포트는 이하의 단백질인 것이 동정되었다.

[0535] 스포트 1 : α-악티닌-3(AlphA-actinin-3) (NCBI의 단백질 액세션 번호 XP_014051545.1, DNA 액세션 번호 XM_014196070.1) (아미노산 서열 : 서열번호 2, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 1)

[0536] 스포트 2 : EEF1A2 바인딩 프로테인-라이크(EEF1A2 binding protein-like) (UniProt의 단백질 액세션 번호 B5RI29, DNA 액세션 번호 ACH85270.1) (아미노산 서열 : 서열번호 5, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 4)

[0537] 스포트 3 : α-1, 4-글루칸포스포릴라아제(AlphA-1,4-glucan phosphorylase) (UniProt의 단백질 액세션 번호 B5DG55, DNA 액세션 번호 ACH70729.1) (아미노산 서열 : 서열번호 10, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 9)

[0538] 스포트 4 : 엘론게이션 팩터 2(Elongation factor 2) (UniProt의 단백질 액세션 번호 C0H9N2, DNA 액세션 번호 ACN10751.1) (아미노산 서열 : 서열번호 19, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 18)

[0539] 스포트 5 : 히트 쇼크 코그네이트 70kDa 프로테인(Heat shock cognate 70kDa protein) (UniProt의 단백질 액세션 번호 B5X3U6, DNA 액세션 번호 ACI33977.1) (아미노산 서열 : 서열번호 26, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 25)

[0540] 스포트 6 : 세로트란스페린(Serotransferrin) (UniProt의 단백질 액세션 번호 P79815, DNA 액세션 번호 BAA13759.1) (아미노산 서열 : 서열번호 33, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 32)

[0541] 스포트 7 : 미오신 바인딩 프로테인 H-라이크(Myosin binding protein H-like) (UniProt의 단백질 액세션 번호 B5DG45, DNA 액세션 번호 ACH70719.1) (아미노산 서열 : 서열번호 43, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 42)

[0542] 스포트 8 : 데스민(프래그먼트) (Desmin (Fragment)) (UniProt의 단백질 액세션 번호 Q8UWF1, DNA 액세션 번호 CAC83053.1) (아미노산 서열 : 서열번호 56, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 55)

[0543] 스포트 9 : 캡핑 프로테인(액틴 필라멘트) 머슬 Z-라인 베타(Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta) (UniProt의 단백질 액세션 번호 B5DFX6, DNA 액세션 번호 ACH70650.1) (아미노산 서열 : 서열번호 61, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 60)

[0544] 실시예 4 : 다른 어종(魚種)에서의 항원 확인(1)

[0545] 연어 이외의 전갱이, 붕장어, 감성돔, 고등어, 도미, 대구, 방어, 뱀장어, 및 넙치의 9종의 생선의 몸을 이용하여, 실시예 1 및 실시예 2에 기재한 순서와 동일한 순서에 의해, 항원의 확인을 실시했다.

[0546] 생선 알레르기 환자 1의 혈청을 사용한 이무노블로트를, 대조인 비(非)생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 이무노블로트와 비교했다. 9종의 생선의 몸 각각에 포함되는 단백질에 관하여 생선 알레르기 환자 1의 혈청을 사용해서 실시한 이무노블로트(도 2)에 있어서, 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 경우(도 3) 와는 달리, 연어에서 얻어진 9개의 스포트의 일부에 상당하는 스포트가 검출되었다.

[0547] 각각의 어종에서 검출된 스포트는 이하와 같다.

[0548] 전갱이 : 스포트 1, 3~5, 8, 및 9

[0549] 붕장어 : 스포트 1, 3, 5, 및 9

[0550] 감성돔 : 스포트 1~6, 8, 및 9

[0551] 고등어 : 스포트 1, 3, 5, 8, 및 9

[0552] 도미 : 스포트 1, 3~6, 8, 및 9

[0553] 대구 : 스포트 1, 3, 5, 7~9

[0554] 방어 : 스포트 1, 3~5, 8, 9

[0555] 뱀장어 : 스포트 1, 3, 4, 6, 9

[0556] 넙치 : 스포트 1, 4, 6

[0557] 실시예 5 : 이무노블로트에서의 항원 확인(2)

[0558] 실시예 2와 동일하게, 생선 알레르기 환자의 혈청을 사용한 이무노블로트를, 대조인 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 이무노블로트와 비교했다. 연어의 몸에 포함되는 단백질에 관하여 생선 알레르기 환자 2의 혈청을 사용해서 실시한 이무노블로트(도 1b 좌측 도면)에 있어서, 실시예 2에서 검출된 9개의 스포트 중 7개(스포트 1~6, 9) 외, 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 경우(도 3)와는 상이하고, 또한 공지의 연어 알레르겐 단백질과는 상이한 3개의 스포트(스포트 11, 12, 14)가 새롭게 검출되었다. 검출된 합계 10의 스포트를 이무노블로트 상에 나타낸다(도 1b 좌측 도면).

[0559] 새롭게 검출된 상기 3개의 스포트의 분자량 및 등전점은 각각 이하와 같다.

[0560] 스포트 11 : 분자량 90~110, pI6.5~7.0

[0561] 스포트 12 : 분자량 120~140, pI5.0~6.0

[0562] 스포트 14 : 분자량 30~40, pI6.5~7.5

[0563] 실시예 6 : 질량 분석 및 항원의 동정(2)

[0564] 실시예 3과 동일하게, 새롭게 검출된 상기의 3개의 스포트를 발생시키는 항원에 관하여, 질량 분석에 의한 아미노산 서열의 동정을 실시했다.

[0565] 각 스포트에 관하여, 질량 분석을 실시했던바, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0566] 스포트 11 : 서열번호 111~119로 나타내는 아미노산 서열

[0567] 스포트 12 : 서열번호 122~136으로 나타내는 아미노산 서열

[0568] 스포트 14 : 서열번호 145~149로 나타내는 아미노산 서열

[0569] 또한, 각 스포트에 관하여, 질량 분석계로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI로 해석했던바, 각각의 스포트는 이하의 단백질인 것이 동정되었다.

[0570] 스포트 11 : 글리코겐 포스포릴라아제, 머슬 폼-라이크(glycogen phosphorylase, muscle form-like) (NCBI의 단백질 액세션 번호 XP_013984904.1, DNA 액세션 번호 XM_014129429.1) (아미노산 서열 : 서열번호 110, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 109)

[0571] 스포트 12 : 미오신 바인딩 프로테인 C, 패스트-타입-라이크(myosin-binding protein C, fast-type-like) (NCBI의 단백질 액세션 번호 XP_014014310.1, DNA 액세션 번호 XM_014158835.1) (아미노산 서열 : 서열번호 121, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 120)

[0572] 스포트 14 : L-락테이트데히드로게나아제 A 체인-라이크(L-lactate dehydrogenase A chain-like) (NCBI의 단백질 액세션 번호 XP_014003141.1, DNA 액세션 번호 XM_014147666.1) (아미노산 서열 : 서열번호 144, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 143)

[0573] 실시예 7 : 이무노블로트에서의 항원 확인(3)

[0574] 실시예 2와 동일하게, 생선 알레르기 환자의 혈청을 사용한 이무노블로트를, 대조인 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 이무노블로트와 비교했다. 연어의 몸에 포함되는 단백질에 관하여 생선 알레르기 환자 3의 혈청을 사용해서 실시한 이무노블로트(도 1b 우측 도면)에 있어서, 실시예 2에서 검출된 9개의 스포트 중 2개(스포트 7, 8)외, 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 경우(도 3)와는 상이하고, 또한 공지의 연어 알레르겐 단백질과는 상이한 2개의 스포트(스포트 10, 13)가 새롭게 검출되었다. 검출된 합계 4개의 스포트를 이무노블로트상에 나타낸다(도 1b 우측 도면).

[0575] 새롭게 검출된 상기 2개의 스포트의 분자량 및 등전점은 각각 이하와 같다.

[0576] 스포트 10 : 분자량 200~230, pI4.5~5.5

[0577] 스포트 13 : 분자량 45~55, pI4.0~5.5

[0578] 실시예 8 : 질량 분석 및 항원의 동정(3)

[0579] 실시예 3과 동일하게, 새롭게 검출된 상기의 2개의 스포트를 발생시키는 항원에 관하여, 질량 분석에 의한 아미노산 서열의 동정을 실시했다.

[0580] 각 스포트에 관하여, 질량 분석을 실시했던바, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0581] 스포트 10 : 서열번호 71~108로 나타내는 아미노산 서열

[0582] 스포트 13 : 서열번호 139~142로 나타내는 아미노산 서열

[0583] 또한, 각 스포트에 관하여, 질량 분석계로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI로 해석했던바, 각각의 스포트는 이하의 단백질인 것이 동정되었다.

[0584] 스포트 10 : 미오신 헤비 체인, 패스트 스켈레탈 머슬-라이크(myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like) (NCBI의 단백질 액세션 번호 XP_014039990.1, DNA 액세션 번호 XM_014184515.1) (아미노산 서열 : 서열번호 70, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 69)

[0585] 스포트 13 : ATP 신타아제 서브유닛 β, 미트콘드리알(ATP synthase subunit beta, mitochondrial) (NCBI의 단백질 액세션 번호 XP_014007238.1, DNA 액세션 번호 XM_014151763.1) (아미노산 서열 : 서열번호 138, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 137)

[0586] 실시예 9 : 다른 어종에서의 항원 확인(2)

[0587] 전갱이, 붕장어, 연어, 고등어, 도미, 및 대구의 6종의 생선의 몸을 이용하여, 실시예 4와 동일하게, 항원의 확인을 실시했다. 생선 알레르기 환자 4의 혈청을 사용한 이무노블로트를, 대조인 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 이무노블로트와 비교했다. 6종의 생선의 몸 각각에 포함되는 단백질에 관하여 생선 알레르기 환자 4의 혈청을 사용해서 실시한 이무노블로트(도 4)에 있어서, 비생선 알레르기 피험자의 혈청을 사용한 경우(도 3)와는 달리, 연어에서 생선 알레르기 환자 1~3의 혈청으로 얻어진 합계 14의 스포트의 일부에 상당하는 스포트

가 검출되었다.

[0588] 각각의 어종에서 검출된 스포트는 이하와 같다.

[0589] 전갱이 : 스포트 1, 3, 4, 8, 10, 11, 및 14

[0590] 붕장어 : 스포트 1, 4, 10, 및 11

[0591] 연어 : 스포트 2, 8, 및 10~14

[0592] 고등어 : 스포트 4, 8, 10, 11, 13, 및 14

[0593] 도미 : 스포트 1, 4, 6, 8, 10, 및 13

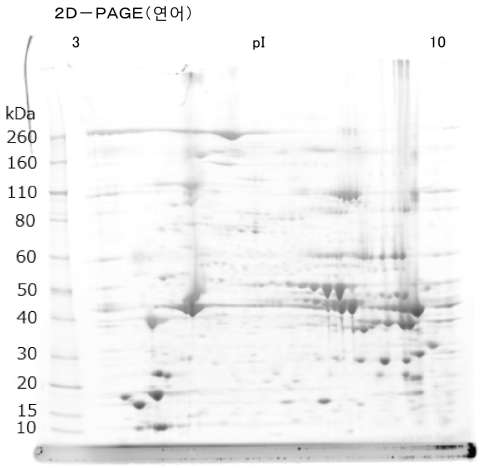
[0594] 대구 : 스포트 1, 5, 8, 10, 11, 및 13

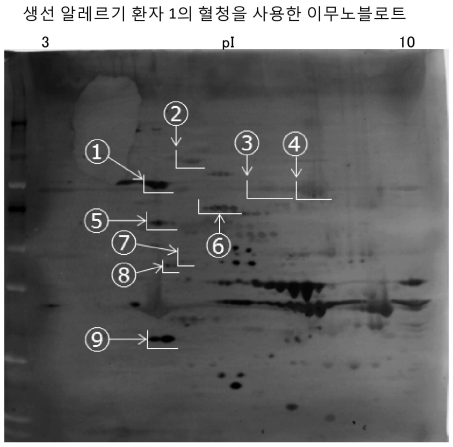
[0595] **산업상의 이용 가능성**

[0596] 본 발명에 의해, 생선에 대한 알레르기의 신규 항원, 생선에 대한 알레르기의 진단 방법 및 진단 키트, 해당 항원을 포함하는 의약 조성물, 및 해당 항원이 제거 또는 저감된 생선, 생선알, 해당 생선 혹은 해당 생선알 가공품, 또는 해당 생선알을 낳는 혹은 해당 생선알로부터 태어난 생선을 제공할 수 있다. 본 발명은 또한, 대상물에 있어서의 생선 항원의 유무를 판정하기 위한 테스터를 제공할 수 있다.

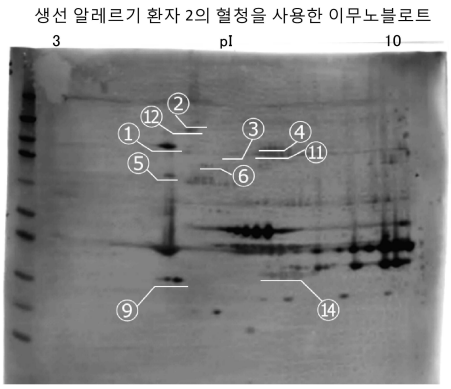
## 도면

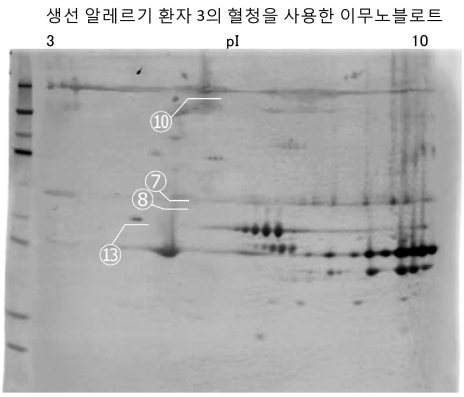
### 도면1a



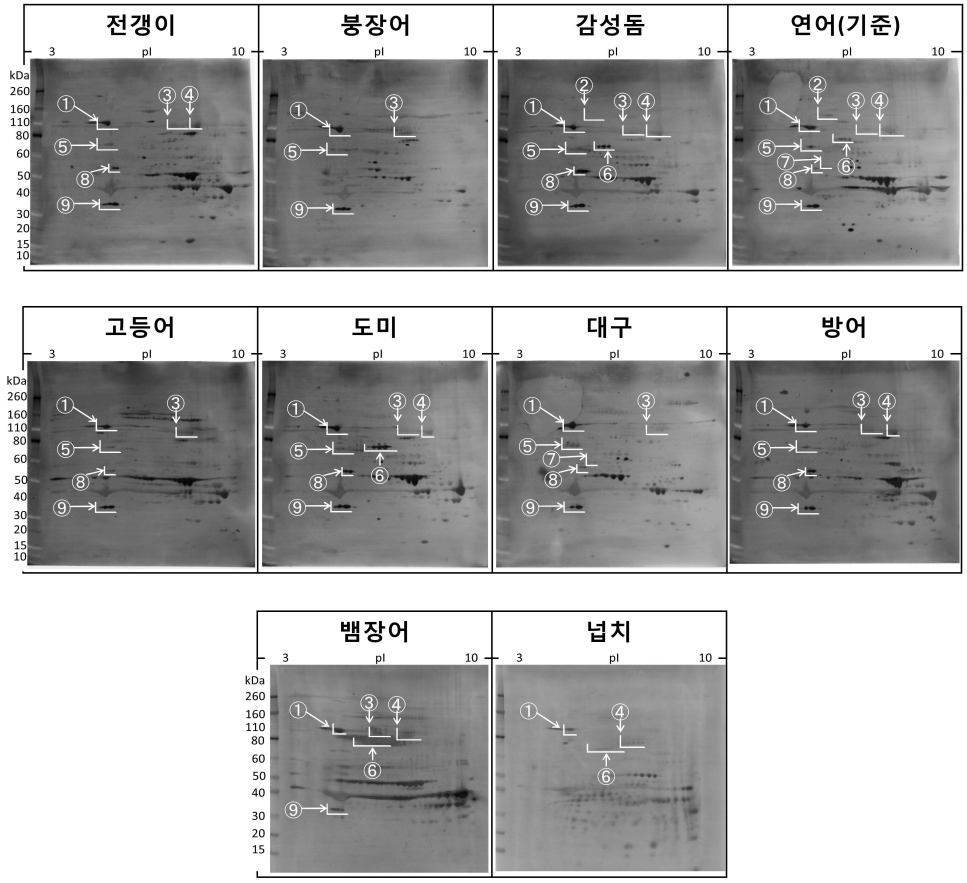

### 도면1b



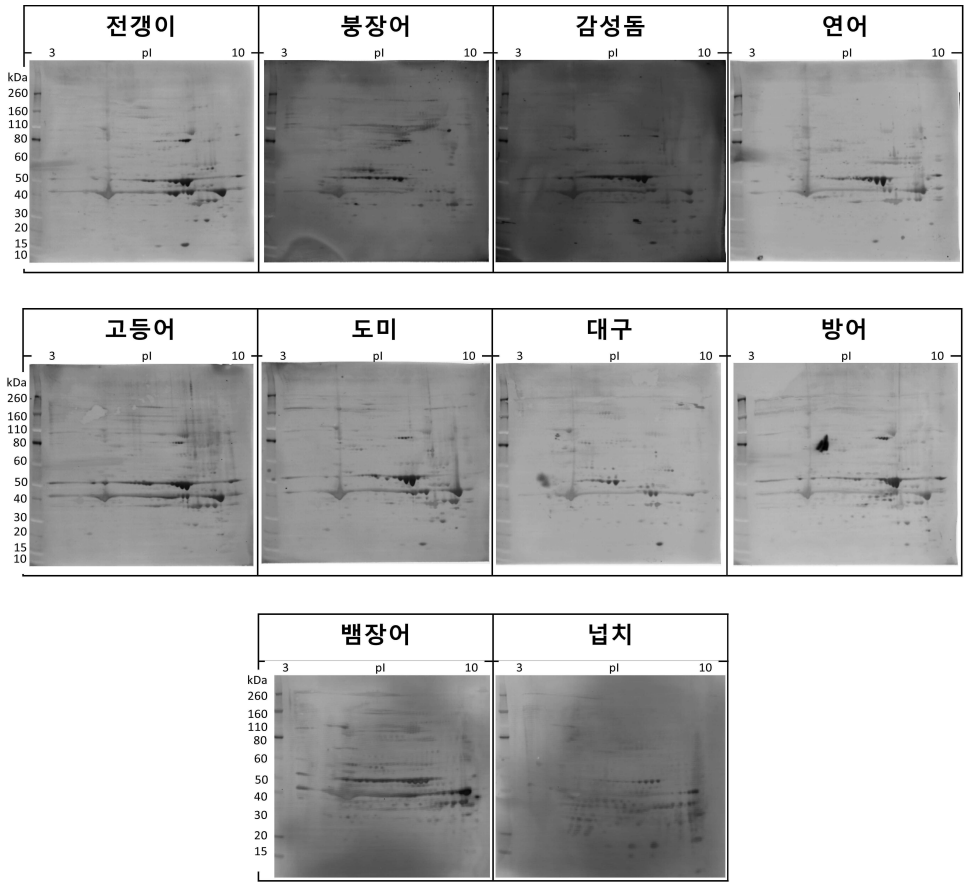
도면2

생선 알레르기 환자 1의 혈청을 사용한 10 어종의 이무노블로트의 결과



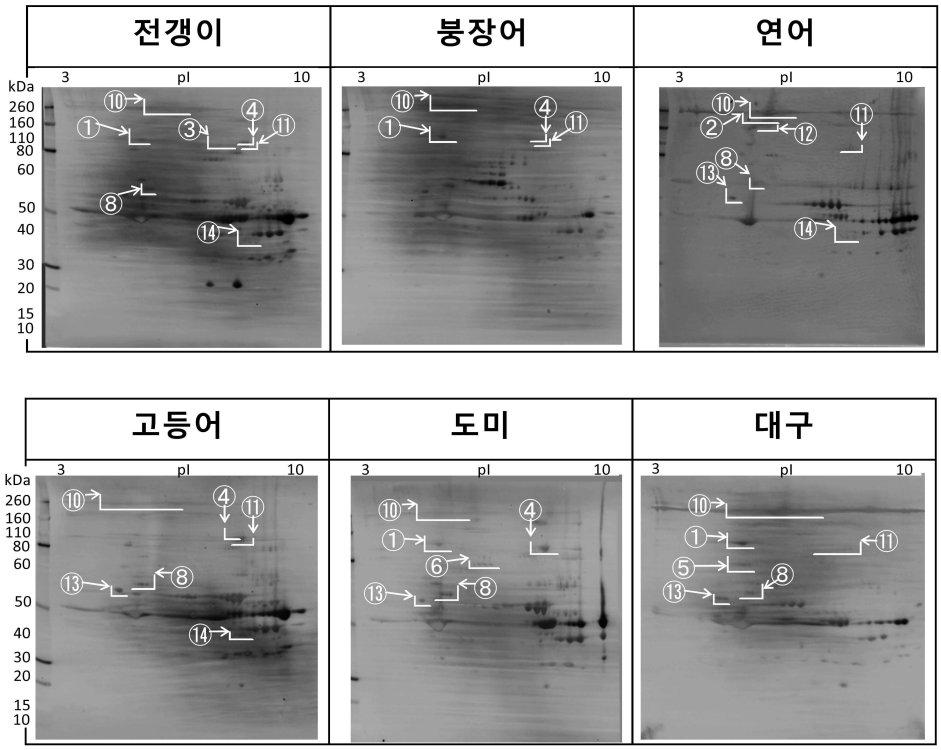
도면3

생선 알레르기 환자 1의 혈청을 사용한 10 어종의 이무노블로트의 결과



도면4

생선 알레르기 환자 1의 혈청을 사용한 6 어종의 이무노블로트의 결과




## 서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> FUJITA ACADEMY

Hoyu Co., Ltd.

<120> Antigens that causes allergy to fish

<130> FA1621-17013

<150> JP2016-119919

<151> 2016-06-16

<160> 149

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 2685

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PREDICTED: alpha-actinin-3

<400> 1

atgacggcaa tcgaaactca ggtgcaatat ggctcctaca tgacttcgga gcaagtctac 60

atgacccaag aggatgattg ggacagggac cttctgttgg accctgcctg ggagaaacag 120

cagcgcaaga ccttcaccgc ctggtgcaac tctcacctgc gtaaagcggg cacacagatt 180

gagaacattg aggaggactt caggaatggg ctcaagctca tgttgctgtt agaggtcatc 240

tcaggtgaaa ggcttcccaa accagacaaa ggcaaaatgc gtttccacaa aatcgccaac 300

gtgaacaagg ccctggattt catctgcagc aagggagtca agctggtgtc catcggtgcc 360

gaggagattg tggatggtaa tgtgaagatg accctgggga tgatctggac catcattctg 420

cgtttcgcca tccaggacat ctctgtagag gagacctctg ctaaggaggg tctgttgctg 480

tggtgccaga ggaagactgc cccctacagg aatgtcaatg tgcagaactt ccacatcagt 540

tggaaggatg gcctggcact gtgtgccctc atccacagac acagacctga cctcattgac 600

tactccaaac tgcgcaagga tgaccccatg ggcaatctca acactgcctt tgaggtggca 660

gagaagtacc tggacatccc caagatgttg gatgcagaag atattgtgaa caccccgaag 720

cccgacgaga aagccatcat gacctatgtg tcctgcttct atcatgcctt cgctggagcc 780

gagcaggccg agacagctgc caataggatc tgcaaggtgt tggctgtcaa ccaggagaac 840

gagaagctca tggaggagta tgagaagctg gccagtgagc tgctggagtg gatccgtcgc 900

accatcccct ggctggagaa ccgcgtggct gagcagacca tgcgcgccat gcagcagaag 960

ctggaggact tccgtgacta ccgtcgcgtc cacaagcctc ccaaggtgca ggagaagtgt 1020

cagctggaga ttaacttcaa caccctgcag accaagctga ggctgagcaa caggcccgcc 1080

ttcatgccct ccgagggcaa gatggtgtcg gacattgcca atgcctggaa gggtctggag 1140

caggtagaga agggctatga ggagtggctg ctcactgaga tcagacgcct ggagaggctg 1200

gaccacctgg ctgagaagtt caagcagaag tcttccctgc atgagtcctg gacctcaggt 1260

aaggtggagc tgctgtccat gaaggactat gagtctgcct cactgatgga gatccgtgcc 1320

ctgatgagga agcacgaggc gtttgagagc gacctggctg cccaccagga cagagtggag 1380

cagattgctg ccatcgccca ggagctcaat gagctggact atcatgatgc cgtcaccatc 1440

aacgcccgct gccagggtat ttgtgaccag tgggacaacc tgggcacctt gacccagaag 1500

aggagagact cactggagcg tgtggagaag ctgtgggaga ccatcgacca gctgtacctg 1560

gagtttgcca agagagcagc ccccttcaac aactggatgg acggagccat ggaggactta 1620

caggacatgt tcattgtgca cagcattgag gagatccaga gtctgatcac agcccatgac 1680

cagttcaagg ccaccctgcc agaggcagat aaggagcgcg ttgcaaccat gggaatccag 1740

aatgagatcg tgaagatcgc tcagacctac ggcatcaagc tgtcaggagt caacccctac 1800

accaaccttt ccccccagga catcaccgac aaatgggatg ctgtgaaaca cctggtgccc 1860

ctcagggatc agatgctgca ggaggaggtg gccaggcagc agtccaacga gaggctgagg 1920

cgccagttcg ctgcccaggc caacatcatc ggaccctgga tccagaccaa gatggaggag 1980

atcagccatg tgtctgtgga catcgccggc tccctggagg aacagatgag caacctgaag 2040

cagtacgagc agaacatcat caactacaag tgcaacatcg acaagctgga gggagaccac 2100

caactcagcc aggagtccct catctttgac aacaagcaca ccaactacac catggagcat 2160

gtgcgtgtgg gctgggagca gctcctcacc accatcgccc gcaccatcaa cgaggtggag 2220

aaccagatcc tgacccgaga tgccaagggc atcagccagg agcagctcaa cgagttcaga 2280

gcctccttca accactttga caggaagaga aatggtatga tggacccaga tgacttccgt 2340

gcctgtctca tctccatggg ctacgatctg ggtgaggtgg agtttgcccg catcatgacg 2400

ctggtggatt ccaacaacac aggtgtggtg accttccagg ccttcatcga cttcatgacc 2460

cgcgagacgg ccgagacaga caccgccgat caggtcatgg cctcattcaa gatcctggcc 2520

tctgacaaga catacatcac agtggaagaa ctgcgcaggg agctgccccc agagcaggcc 2580

gactactgca tcagccgcat gaccagttac atcggcagcg gcgcaccccc aggcgccctg 2640

gactacatct ccttctccag tgccctgtac ggagagagcg actta 2685

<210> 2

<211> 895

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PREDICTED: alpha-actinin-3

<400> 2

Met Thr Ala Ile Glu Thr Gln Val Gln Tyr Gly Ser Tyr Met Thr Ser
1 5 10 15

Glu Gln Val Tyr Met Thr Gln Glu Asp Asp Trp Asp Arg Asp Leu Leu
20 25 30

Leu Asp Pro Ala Trp Glu Lys Gln Gln Arg Lys Thr Phe Thr Ala Trp
35 40 45

Cys Asn Ser His Leu Arg Lys Ala Gly Thr Gln Ile Glu Asn Ile Glu
50 55 60

Glu Asp Phe Arg Asn Gly Leu Lys Leu Met Leu Leu Leu Glu Val Ile
65 70 75 80

Ser Gly Glu Arg Leu Pro Lys Pro Asp Lys Gly Lys Met Arg Phe His
85 90 95

Lys Ile Ala Asn Val Asn Lys Ala Leu Asp Phe Ile Cys Ser Lys Gly
100 105 110

Val Lys Leu Val Ser Ile Gly Ala Glu Glu Ile Val Asp Gly Asn Val
115 120 125
Lys Met Thr Leu Gly Met Ile Trp Thr Ile Ile Leu Arg Phe Ala Ile
130 135 140
Gln Asp Ile Ser Val Glu Glu Thr Ser Ala Lys Glu Gly Leu Leu Leu
145 150 155 160
Trp Cys Gln Arg Lys Thr Ala Pro Tyr Arg Asn Val Asn Val Gln Asn
165 170 175

Phe His Ile Ser Trp Lys Asp Gly Leu Ala Leu Cys Ala Leu Ile His
180 185 190
Arg His Arg Pro Asp Leu Ile Asp Tyr Ser Lys Leu Arg Lys Asp Asp
195 200 205
Pro Met Gly Asn Leu Asn Thr Ala Phe Glu Val Ala Glu Lys Tyr Leu
210 215 220
Asp Ile Pro Lys Met Leu Asp Ala Glu Asp Ile Val Asn Thr Pro Lys
225 230 235 240

Pro Asp Glu Lys Ala Ile Met Thr Tyr Val Ser Cys Phe Tyr His Ala
245 250 255
Phe Ala Gly Ala Glu Gln Ala Glu Thr Ala Ala Asn Arg Ile Cys Lys
260 265 270
Val Leu Ala Val Asn Gln Glu Asn Glu Lys Leu Met Glu Glu Tyr Glu
275 280 285
Lys Leu Ala Ser Glu Leu Leu Glu Trp Ile Arg Arg Thr Ile Pro Trp
290 295 300

Leu Glu Asn Arg Val Ala Glu Gln Thr Met Arg Ala Met Gln Gln Lys
305 310 315 320
Leu Glu Asp Phe Arg Asp Tyr Arg Arg Val His Lys Pro Pro Lys Val
325 330 335
Gln Glu Lys Cys Gln Leu Glu Ile Asn Phe Asn Thr Leu Gln Thr Lys

340 345 350

Leu Arg Leu Ser Asn Arg Pro Ala Phe Met Pro Ser Glu Gly Lys Met

355 360 365

Val Ser Asp Ile Ala Asn Ala Trp Lys Gly Leu Glu Gln Val Glu Lys

370 375 380

Gly Tyr Glu Glu Trp Leu Leu Thr Glu Ile Arg Arg Leu Glu Arg Leu

385 390 395 400

Asp His Leu Ala Glu Lys Phe Lys Gln Lys Ser Ser Leu His Glu Ser

405 410 415

Trp Thr Ser Gly Lys Val Glu Leu Leu Ser Met Lys Asp Tyr Glu Ser

420 425 430

Ala Ser Leu Met Glu Ile Arg Ala Leu Met Arg Lys His Glu Ala Phe

435 440 445

Glu Ser Asp Leu Ala Ala His Gln Asp Arg Val Glu Gln Ile Ala Ala

450 455 460

Ile Ala Gln Glu Leu Asn Glu Leu Asp Tyr His Asp Ala Val Thr Ile

465 470 475 480

Asn Ala Arg Cys Gln Gly Ile Cys Asp Gln Trp Asp Asn Leu Gly Thr

485 490 495

Leu Thr Gln Lys Arg Arg Asp Ser Leu Glu Arg Val Glu Lys Leu Trp

500 505 510

Glu Thr Ile Asp Gln Leu Tyr Leu Glu Phe Ala Lys Arg Ala Ala Pro

515 520 525

Phe Asn Asn Trp Met Asp Gly Ala Met Glu Asp Leu Gln Asp Met Phe

530 535 540

Ile Val His Ser Ile Glu Glu Ile Gln Ser Leu Ile Thr Ala His Asp

545 550 555 560

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

565 570 575

Met Gly Ile Gln Asn Glu Ile Val Lys Ile Ala Gln Thr Tyr Gly Ile

580 585 590

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

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

Tyr Lys Cys Asn Ile Asp Lys Leu Glu Gly Asp His Gln Leu Ser Gln
690 695 700
Glu Ser Leu Ile Phe Asp Asn Lys His Thr Asn Tyr Thr Met Glu His
705 710 715 720
Val Arg Val Gly Trp Glu Gln Leu Leu Thr Thr Ile Ala Arg Thr Ile
725 730 735
Asn Glu Val Glu Asn Gln Ile Leu Thr Arg Asp Ala Lys Gly Ile Ser
740 745 750

Gln Glu Gln Leu Asn Glu Phe Arg Ala Ser Phe Asn His Phe Asp Arg
755 760 765
Lys Arg Asn Gly Met Met Asp Pro Asp Asp Phe Arg Ala Cys Leu Ile
770 775 780
Ser Met Gly Tyr Asp Leu Gly Glu Val Glu Phe Ala Arg Ile Met Thr
785 790 795 800
Leu Val Asp Ser Asn Asn Thr Gly Val Val Thr Phe Gln Ala Phe Ile
805 810 815

Asp Phe Met Thr Arg Glu Thr Ala Glu Thr Asp Thr Ala Asp Gln Val
820 825 830
Met Ala Ser Phe Lys Ile Leu Ala Ser Asp Lys Thr Tyr Ile Thr Val

835 840 845

Glu Glu Leu Arg Arg Glu Leu Pro Pro Glu Gln Ala Asp Tyr Cys Ile

850 855 860

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

865 870 875 880

Asp Tyr Ile Ser Phe Ser Ser Ala Leu Tyr Gly Glu Ser Asp Leu

885 890 895

<210> 3

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PREDICTED: alpha-actinin-3 fragment

<400> 3

Glu Arg Val Ala Thr Met Gly Ile Gln Asn Glu Ile Val Lys

1 5 10

<210> 4

<211> 3591

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EEF1A2 binding protein-like

<400> 4

atgtggaaaa agaaatcaaa gctcacggac cagacggcca ctggccaagt tgggatcaag 60

aagagatcaa aagtccctgg agttatgatc acgcagtatg tggagaaaat accagatggg 120

aaaagccacc ctgacttcac ccgcaagcct atcgcgttga ccattcagga gggtaaattc 180

gccttcttca aagccctggt tattggagat ccagaaccaa ccgtgacatg gggcagaaat 240

aatggagatg tgtcagatac atcaaaatat gtgacaaaat atgaccctgc tacacgtgag 300

cacttatttg agatggccaa tgtaaaacca gaacaagcag acacctacaa atgctttgca 360

gctaatgagt ttggaagagc agtggtcaca gtggtcctca atgttattga agttgggttc 420

aagaaagcac aagcggactc acaggtgcaa ccagaggcag ctgttgcaga ttttaaatct 480

gtattgaaga gaaaaagtaa aattcagccc aaaatggaaa agaaagaaga tggagaaata 540

gatccaagat tttgggaact cttgataagt gctgacaaga aagactatga gagcctcatg 600

ttggagtttg gagtcactga cttccgcttt atgctgaaga cactgaatga gattaagaag 660

gaaagagagg aagagcaagc acagttcatt gaaaacctag ctaacctgaa acctattgaa 720

gttggacccg atggctgtgc aacctttca atagacatgg atctcattga acaaagcagc 780

aggatcttcc tctacaagga tggagtgatg attccataca gcaaggagtt gggagataca 840

atcaaacaca gcctaaagat agtgggccga aagtatcagt tcagcataag ggatctgttt 900

cctgatgatg ctgggctcta ccaggtggat gttgaggacg taaatgtatt ctccaccgat 960

tttaagattc ccatggtgga cttcctggtc aagattcagg agtgtaaggc catggagaga 1020

gaggatgctg tgtttgagtg tgtcctgtca cagcccttcg gcaagatcat gtgggttggc 1080

aagaacttac cattggaggc aggggataaa tatgatattg aggtttcaga agacaagctc 1140

atccacagac taatcattaa agacgttgct atggtggaca aaggcatcta tgccgctgtg 1200

gcaggaatca aatcttgcaa tgcctttctt gtggttgaag ccgacaaggg tgaacccggc 1260

aaaaagaaac aacgtaaaac cacaagggca ggaggagctg gagttgacct gacggcgatt 1320

gcccaagagc aggcagttaa aaacacggca gacagagagg tgctgaagga gaaggtgaaa 1380

gcaatcaatg acgagagagc ggctaatgcc actgcagcac ctgagacttc agctgaagct 1440

aaagctaaag ttaaggtggt agaggcttcc caaacaggag ctccaaaaca gggaccggca 1500

gttaaagggt ctgaccataa atccgtggat aatgagggat acagcattaa gagtggactc 1560

tcagatgtct ttgctctccg tggcaagaaa ggtgaactgg tttgtgagat gagccatgaa 1620

gttgatgggg cctggttcaa ggatggagag aagttatcca ccacagatgg aatagccata 1680

gtgaaagatg gaacgagaca cacgatgacc attcatagca gtagtgaaga cgacactgga 1740

gtctatcaca ttgaagcggg gggatttaaa tcagaggcaa aagtcactgt gggagaatta 1800

cctgccattg atgctgatga cctccacaag ttttctaagc ctgtgacaat aaaagtgggc 1860

cagaatgcat cctggaagat gccttataca ccacaggaca acttggaggt gaaatggttt 1920

aaggatggca aagagttgaa ggatggtggt ggggtgaagt tggtgaagga ggtcaagcac 1980

agccggctgc tgctccggga gtgtctgcgt tctgacgctg gggagatcaa gattcaactc 2040

aaaaaccect ttggcactat agaggccaca tctcgactga ttgtccttga caagcccggc 2100

ccaccagaag gcccggtgga aatcttggag accacctcca ctgtgattga gctgcagtgg 2160

ggcgctccta aggacgacgg tggctccccg gtgactaact acatcattga gcgccagcag 2220

ctgggacaga ccgtgtggaa gaagatgggt gatgtcgcag ctgacaaaac cacctacagg 2280

gacaggaatg tggtccatgg gaaactgtac atctacaata tctacgcagt gaacccagag 2340

gggaccagtg atgcactgca gactgaggaa acaatggctg gcgtattgat atttgctggc 2400

cgacctggag caccaaaagt ggtcagcgca tcaaagacct gcatcaacct gaaatgggag 2460

cccccagaag atgacggagg aattaagatt gatggctatc aactggaaaa acgcaaaaag 2520

gacacagctc agtggattgc tttgaaccca gtaactgagc ctattgaagt gctggagtac 2580

gcagtgaagg atgttgttga gggggcggag tatgagttca gggtatcggc catcaacgtt 2640
tctggggcgg gagagttcag tctcccctct gtgatggtga ctgcaaagaa tcccaacatg 2700
aggcctacat tcaaagatcc agaggacttc atggtgatca gggcgggaaa ctctgtgaga 2760
atcaaagttc tctatgaggc tgagcctcca ccggagatca cttggatgaa ggacaatgag 2820
cctgtatcca gttttataca gatcatcaac acagagggct gttcccagct tgtgatcccc 2880
tcaacaaaac gctctgattc aggaaattac accattgtgg ctaagaataa agttggagag 2940
gccagctttg acattgaggt cctagtcaca gatgagccaa agcctcctgg tgcagtggag 3000

ctggagcaga ttgtccatgg caaagttatt gtgtcctggg aggcctctcc agaccaggag 3060
ctggacaaca ggctgtatta catggtggcc gagcacgact ccagcacacg catgtggcac 3120
actgtggcag accgcatctt tgacaattca tacacagcca ataacatcat gcctggaagg 3180
gagtaccact tcaaaatcta tgccaagaac gacatgggca tgtcagaccc ctccatgtca 3240
cccacctggg gcatcaacag caacagaatt cctataaaca caaacacgcc agtggaagtc 3300
agctttgaga aaccaccatc tgtcctggtc cctctgaaga tgcactcgcc accaaaagga 3360
ttccagatgt acatgacctg cgccatccgg ggatgcccca cacccagcgt cacgtggcac 3420

ctgaacaacg tctgcatcaa tggtgacagc aactactaca tcaccaactc gtatggcgtg 3480
tgctccatgt acatccttag ggtcaggccc aaggacgccg gagaatacaa agttgtcgca 3540
gttaactcct tcggcaaggc agaatgctcc actaaacttg ttgttaaaga c 3591

<210> 5

<211> 1197

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EEF1A2 binding protein-like

<400> 5

Met Trp Lys Lys Lys Ser Lys Leu Thr Asp Gln Thr Ala Thr Gly Gln
1 5 10 15
Val Gly Ile Lys Lys Arg Ser Lys Val Pro Gly Val Met Ile Thr Gln

20 25 30
Tyr Val Glu Lys Ile Pro Asp Gly Lys Ser His Pro Asp Phe Thr Arg
35 40 45
Lys Pro Ile Ala Leu Thr Ile Gln Glu Gly Lys Phe Ala Phe Phe Lys

50 55 60

Ala Leu Val Ile Gly Asp Pro Glu Pro Thr Val Thr Trp Gly Arg Asn

65 70 75 80

Asn Gly Asp Val Ser Asp Thr Ser Lys Tyr Val Thr Lys Tyr Asp Pro

85 90 95

Ala Thr Arg Glu His Leu Phe Glu Met Ala Asn Val Lys Pro Glu Gln

100 105 110

Ala Asp Thr Tyr Lys Cys Phe Ala Ala Asn Glu Phe Gly Arg Ala Val

115 120 125

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

130 135 140

Ala Asp Ser Gln Val Gln Pro Glu Ala Ala Val Ala Asp Phe Lys Ser

145 150 155 160

Val Leu Lys Arg Lys Ser Lys Ile Gln Pro Lys Met Glu Lys Lys Glu

165 170 175

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

180 185 190

Lys Lys Asp Tyr Glu Ser Leu Met Leu Glu Phe Gly Val Thr Asp Phe

195 200 205

Arg Phe Met Leu Lys Thr Leu Asn Glu Ile Lys Lys Glu Arg Glu Glu

210 215 220

Glu Gln Ala Gln Phe Ile Glu Asn Leu Ala Asn Leu Lys Pro Ile Glu

225 230 235 240

Val Gly Pro Asp Gly Cys Ala Thr Phe Ser Ile Asp Met Asp Leu Ile

245 250 255

Glu Gln Ser Ser Arg Ile Phe Leu Tyr Lys Asp Gly Val Met Ile Pro

260 265 270

Tyr Ser Lys Glu Leu Gly Asp Thr Ile Lys His Ser Leu Lys Ile Val

275 280 285

Gly Arg Lys Tyr Gln Phe Ser Ile Arg Asp Leu Phe Pro Asp Asp Ala

290 295 300

Gly Leu Tyr Gln Val Asp Val Glu Asp Val Asn Val Phe Ser Thr Asp
305 310 315 320
Phe Lys Ile Pro Met Val Asp Phe Leu Val Lys Ile Gln Glu Cys Lys
325 330 335
Ala Met Glu Arg Glu Asp Ala Val Phe Glu Cys Val Leu Ser Gln Pro

340 345 350
Phe Gly Lys Ile Met Trp Val Gly Lys Asn Leu Pro Leu Glu Ala Gly
355 360 365
Asp Lys Tyr Asp Ile Glu Val Ser Glu Asp Lys Leu Ile His Arg Leu
370 375 380
Ile Ile Lys Asp Val Ala Met Val Asp Lys Gly Ile Tyr Ala Ala Val
385 390 395 400
Ala Gly Ile Lys Ser Cys Asn Ala Phe Leu Val Val Glu Ala Asp Lys

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

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

530 535 540
Trp Phe Lys Asp Gly Glu Lys Leu Ser Thr Thr Asp Gly Ile Ala Ile

545 550 555 560

Val Lys Asp Gly Thr Arg His Thr Met Thr Ile His Ser Ser Ser Glu

565 570 575

Asp Asp Thr Gly Val Tyr His Ile Glu Ala Gly Gly Phe Lys Ser Glu

580 585 590

Ala Lys Val Thr Val Gly Glu Leu Pro Ala Ile Asp Ala Asp Asp Leu

595 600 605

His Lys Phe Ser Lys Pro Val Thr Ile Lys Val Gly Gln Asn Ala Ser

610 615 620

Trp Lys Met Pro Tyr Thr Pro Gln Asp Asn Leu Glu Val Lys Trp Phe

625 630 635 640

Lys Asp Gly Lys Glu Leu Lys Asp Gly Gly Gly Val Lys Leu Val Lys

645 650 655

Glu Val Lys His Ser Arg Leu Leu Leu Arg Glu Cys Leu Arg Ser Asp

660 665 670

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

675 680 685

Ala Thr Ser Arg Leu Ile Val Leu Asp Lys Pro Gly Pro Pro Glu Gly

690 695 700

Pro Val Glu Ile Leu Glu Thr Thr Ser Thr Val Ile Glu Leu Gln Trp

705 710 715 720

Gly Ala Pro Lys Asp Asp Gly Gly Ser Pro Val Thr Asn Tyr Ile Ile

725 730 735

Glu Arg Gln Gln Leu Gly Gln Thr Val Trp Lys Lys Met Gly Asp Val

740 745 750

Ala Ala Asp Lys Thr Thr Tyr Arg Asp Arg Asn Val Val His Gly Lys

755 760 765

Leu Tyr Ile Tyr Asn Ile Tyr Ala Val Asn Pro Glu Gly Thr Ser Asp

770 775 780

Ala Leu Gln Thr Glu Glu Thr Met Ala Gly Val Leu Ile Phe Ala Gly

785 790 795 800

Arg Pro Gly Ala Pro Lys Val Val Ser Ala Ser Lys Thr Cys Ile Asn
805 810 815
Leu Lys Trp Glu Pro Pro Glu Asp Asp Gly Gly Ile Lys Ile Asp Gly
820 825 830
Tyr Gln Leu Glu Lys Arg Lys Lys Asp Thr Ala Gln Trp Ile Ala Leu
835 840 845
Asn Pro Val Thr Glu Pro Ile Glu Val Leu Glu Tyr Ala Val Lys Asp

850 855 860
Val Val Glu Gly Ala Glu Tyr Glu Phe Arg Val Ser Ala Ile Asn Val
865 870 875 880
Ser Gly Ala Gly Glu Phe Ser Leu Pro Ser Val Met Val Thr Ala Lys
885 890 895
Asn Pro Asn Met Arg Pro Thr Phe Lys Asp Pro Glu Asp Phe Met Val
900 905 910
Ile Arg Ala Gly Asn Ser Val Arg Ile Lys Val Leu Tyr Glu Ala Glu

915 920 925
Pro Pro Pro Glu Ile Thr Trp Met Lys Asp Asn Glu Pro Val Ser Ser
930 935 940
Phe Ile Gln Ile Ile Asn Thr Glu Gly Cys Ser Gln Leu Val Ile Pro
945 950 955 960
Ser Thr Lys Arg Ser Asp Ser Gly Asn Tyr Thr Ile Val Ala Lys Asn
965 970 975
Lys Val Gly Glu Ala Ser Phe Asp Ile Glu Val Leu Val Thr Asp Glu

980 985 990
Pro Lys Pro Pro Gly Ala Val Glu Leu Glu Gln Ile Val His Gly Lys
995 1000 1005
Val Ile Val Ser Trp Glu Ala Ser Pro Asp Gln Glu Leu Asp Asn
1010 1015 1020
Arg Leu Tyr Tyr Met Val Ala Glu His Asp Ser Ser Thr Arg Met
1025 1030 1035
Trp His Thr Val Ala Asp Arg Ile Phe Asp Asn Ser Tyr Thr Ala

1040 1045 1050

Asn Asn Ile Met Pro Gly Arg Glu Tyr His Phe Lys Ile Tyr Ala

1055 1060 1065

Lys Asn Asp Met Gly Met Ser Asp Pro Ser Met Ser Pro Thr Trp

1070 1075 1080

Gly Ile Asn Ser Asn Arg Ile Pro Ile Asn Thr Asn Thr Pro Val

1085 1090 1095

Glu Val Ser Phe Glu Lys Pro Pro Ser Val Leu Val Pro Leu Lys

1100 1105 1110

Met His Ser Pro Pro Lys Gly Phe Gln Met Tyr Met Thr Cys Ala

1115 1120 1125

Ile Arg Gly Cys Pro Thr Pro Ser Val Thr Trp His Leu Asn Asn

1130 1135 1140

Val Cys Ile Asn Gly Asp Ser Asn Tyr Tyr Ile Thr Asn Ser Tyr

1145 1150 1155

Gly Val Cys Ser Met Tyr Ile Leu Arg Val Arg Pro Lys Asp Ala

1160 1165 1170

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

1175 1180 1185

Cys Ser Thr Lys Leu Val Val Lys Asp

1190 1195

<210> 6

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EEF1A2 binding protein-like fragment

<400> 6

Ala Gln Ala Asp Ser Gln Val Gln Pro Glu Ala Ala Val Ala Asp Phe

1 5 10 15

Lys

<210> 7

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EEF1A2 binding protein-like fragment

<400> 7

Gly Ile Tyr Ala Ala Val Ala Gly Ile Lys

1 5 10

<210> 8

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EEF1A2 binding protein-like fragment

<400> 8

Thr Thr Arg Ala Gly Gly Ala Gly Val Asp Leu Thr Ala Ile Ala Gln

1 5 10 15

Glu Gln Ala Val Lys

20

<210> 9

<211> 2532

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Alpha-1,4 glucan phosphorylase

<400> 9

atgtcaaaac cgttgtcaga tcacgataga aagaagcaga tctccgtgag aggtcttgct 60

ggtgtggaaa atgtggcaga actgaaggtc gctttcaaca ggcatctcca ttttacgctg 120

gtcaaggaca gaaatgtggc atccaaacgg gattactact ttgctctcgc caacaccgtg 180

cgtgaccact tggtgggcag gtggatcaga acccagcaat actactatga gaaagatccc 240

aaacgtgtgt actacatctc cctggagttc tacatgggtc gcaccctgca gaacaccatg 300

gtgaacctgg cgctggaaaa cgcctgtgat gaggccatat accagctggg tctggacatg 360

gaggagctgg aggacatgga ggaggacgca ggcctgggaa acggtggtct tggacgtctt 420

gccgcctgct tcctggactc tatggcttct ctgggtctgg ctgcgtatgg ctacggtatc 480

cgctatgagt ttggcatctt taaccagaag atcgtcaatg gatggcaggt tgaggaggct 540

gatgactggc tgcgttacgg caacccctgg gagaaggccc gacccgagta catgcgcccc 600

gtcaagttct atggcagaac cgagcacacc ccagagggtg tgaaatgggt tgacactcag 660

gtagtgttgg ctctgccata tgacacccct atccccgggt acagaaacaa cattgtcaac 720

accatgagac tgtggtctgc aaaggcccca tgcgacttca acctgaaaga cttcaacgtt 780

ggtgggtaca ttcaggctgt gttggacaga aacctatgcg agaacatttc ccgtgtgctg 840

taccccaatg ataacttctt tgagggcaag gagctgcgtc tgaagcagga gtactttgtg 900

gtggccgcca cccttcagga catcgtccgt cgtttcaagg cctctaagtt tggctccaga 960

gagatcgtcc gcacagactt cgcccagctg cccaacaaag ttgccatcca gctgaatgac 1020

actcaccctg ccatggccat tcctgagctg atgagggtac tggttgatga ggagaagctg 1080

gagtgggaca aggcctggga cgtgtgtgtc cgtacctgtg cctacacaaa ccacaccgtg 1140

ctgcctgagg ccctggagcg ctggcccatt gacctgttcc atcacctgct gccccgtcac 1200

ctggagatta tctacgagat caaccgtcgc ttcctgcagt acgtcgcctc gaagttccct 1260

ggcgacaacg accgtctgcg ccgcatgtcc ctgattgagg agggagaatg caagaaagtc 1320

aacatggctc atatgtgtat cgttggatcc catgctgtca acggcgtggc ccgcatccac 1380

tcggagatcc tcgtcgccac tctgttcaag gacttttatg agttggaccc acacaagttc 1440

cagaacaaga ccaatggcat caccccccgt cgctggctgg ttatgtgcaa ccccggcttg 1500

gctgaggtca tcgcagagag aattggagag gagtttgtcc gtgaccttga ccagctgaag 1560

aaactgttga agttcattga tgatgatgct ttcatccgtg acatagccaa agtcaagcag 1620

gagaacaagc tgaagttcgc tgtgcacctg gaagaacact acaaagtaaa gatcaacccc 1680

cagtccatgt ttgacttcca agtcaaaaga atccacgagt acaagagaca gctgctcaac 1740

tgtctgcaca tgatcaccta ctacaaccgt atcaagaagg agccaaacaa gcactggacc 1800

ccaagaacca tcatggtcgg aggaaaggct gccccaggct accacacagc caagatgatc 1860

attcgtctca tcaccgctat cggtgaggtt gtcaaccacg accccgtgat cggcgaccgc 1920

ctcaaagtca tcttcttgga gaactacaga gtcaccctgg ctgagaaagc catcccctct 1980

gctgacctgt ctgagcagat ctctacagct ggcactgagg cctctggcac tggcaacatg 2040

aagttcatgc tgaatggcgc tctgaccatc ggcaccatgg acggagccaa cgtggagatg 2100

gccgaggagg ccggagagaa gaacctcttc atcttcggca tgagagtgga ggaagtggac 2160

gcaatggacg ccggcaaagg ataccacgcc tctgagtact acaaccgtat tcccgagctg 2220

aaacaggcca tggaccagat ctctggtggc ttcttcagcc ataagcagcc agacctcttc 2280

aaggaacttg tggacctgct gatgcaccac gacaggttca aggtgtttgc tgactacgaa 2340

gcctacatca aaagtcagga taaggtcaac gaactgtaca agaaacccaa ggaatggacc 2400

aagatggtga tccataacat tgcaggctgt ggtaaattct ccagcgaccg caccatttcc 2460

cagtacgccc gggagatctg gggcatggag cccagcctgg agaagatccc tgcccccgat 2520

gagcaactca aa 2532

<210> 10

<211> 844

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Alpha-1,4 glucan phosphorylase

<400> 10

Met Ser Lys Pro Leu Ser Asp His Asp Arg Lys Lys Gln Ile Ser Val
1 5 10 15

Arg Gly Leu Ala Gly Val Glu Asn Val Ala Glu Leu Lys Val Ala Phe
20 25 30

Asn Arg His Leu His Phe Thr Leu Val Lys Asp Arg Asn Val Ala Ser
35 40 45

Lys Arg Asp Tyr Tyr Phe Ala Leu Ala Asn Thr Val Arg Asp His Leu
50 55 60

Val Gly Arg Trp Ile Arg Thr Gln Gln Tyr Tyr Tyr Glu Lys Asp Pro
65 70 75 80

Lys Arg Val Tyr Tyr Ile Ser Leu Glu Phe Tyr Met Gly Arg Thr Leu
85 90 95

Gln Asn Thr Met Val Asn Leu Ala Leu Glu Asn Ala Cys Asp Glu Ala
100 105 110

Ile Tyr Gln Leu Gly Leu Asp Met Glu Glu Leu Glu Asp Met Glu Glu
115 120 125

Asp Ala Gly Leu Gly Asn Gly Gly Leu Gly Arg Leu Ala Ala Cys Phe
130 135 140

Leu Asp Ser Met Ala Ser Leu Gly Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ile
145 150 155 160

Arg Tyr Glu Phe Gly Ile Phe Asn Gln Lys Ile Val Asn Gly Trp Gln
165 170 175

Val Glu Glu Ala Asp Asp Trp Leu Arg Tyr Gly Asn Pro Trp Glu Lys
180 185 190
Ala Arg Pro Glu Tyr Met Arg Pro Val Lys Phe Tyr Gly Arg Thr Glu
195 200 205
His Thr Pro Glu Gly Val Lys Trp Val Asp Thr Gln Val Val Leu Ala
210 215 220

Leu Pro Tyr Asp Thr Pro Ile Pro Gly Tyr Arg Asn Asn Ile Val Asn
225 230 235 240
Thr Met Arg Leu Trp Ser Ala Lys Ala Pro Cys Asp Phe Asn Leu Lys
245 250 255
Asp Phe Asn Val Gly Gly Tyr Ile Gln Ala Val Leu Asp Arg Asn Leu
260 265 270
Cys Glu Asn Ile Ser Arg Val Leu Tyr Pro Asn Asp Asn Phe Phe Glu
275 280 285

Gly Lys Glu Leu Arg Leu Lys Gln Glu Tyr Phe Val Val Ala Ala Thr
290 295 300
Leu Gln Asp Ile Val Arg Arg Phe Lys Ala Ser Lys Phe Gly Ser Arg
305 310 315 320
Glu Ile Val Arg Thr Asp Phe Ala Gln Leu Pro Asn Lys Val Ala Ile
325 330 335
Gln Leu Asn Asp Thr His Pro Ala Met Ala Ile Pro Glu Leu Met Arg
340 345 350

Val Leu Val Asp Glu Glu Lys Leu Glu Trp Asp Lys Ala Trp Asp Val
355 360 365
Cys Val Arg Thr Cys Ala Tyr Thr Asn His Thr Val Leu Pro Glu Ala
370 375 380
Leu Glu Arg Trp Pro Ile Asp Leu Phe His His Leu Leu Pro Arg His
385 390 395 400
Leu Glu Ile Ile Tyr Glu Ile Asn Arg Arg Phe Leu Gln Tyr Val Ala
405 410 415

Ser Lys Phe Pro Gly Asp Asn Asp Arg Leu Arg Arg Met Ser Leu Ile

420 425 430

Glu Glu Gly Glu Cys Lys Lys Val Asn Met Ala His Met Cys Ile Val

435 440 445

Gly Ser His Ala Val Asn Gly Val Ala Arg Ile His Ser Glu Ile Leu

450 455 460

Val Ala Thr Leu Phe Lys Asp Phe Tyr Glu Leu Asp Pro His Lys Phe

465 470 475 480

Gln Asn Lys Thr Asn Gly Ile Thr Pro Arg Arg Trp Leu Val Met Cys

485 490 495

Asn Pro Gly Leu Ala Glu Val Ile Ala Glu Arg Ile Gly Glu Glu Phe

500 505 510

Val Arg Asp Leu Asp Gln Leu Lys Lys Leu Leu Lys Phe Ile Asp Asp

515 520 525

Asp Ala Phe Ile Arg Asp Ile Ala Lys Val Lys Gln Glu Asn Lys Leu

530 535 540

Lys Phe Ala Val His Leu Glu Glu His Tyr Lys Val Lys Ile Asn Pro

545 550 555 560

Gln Ser Met Phe Asp Phe Gln Val Lys Arg Ile His Glu Tyr Lys Arg

565 570 575

Gln Leu Leu Asn Cys Leu His Met Ile Thr Tyr Tyr Asn Arg Ile Lys

580 585 590

Lys Glu Pro Asn Lys His Trp Thr Pro Arg Thr Ile Met Val Gly Gly

595 600 605

Lys Ala Ala Pro Gly Tyr His Thr Ala Lys Met Ile Ile Arg Leu Ile

610 615 620

Thr Ala Ile Gly Glu Val Val Asn His Asp Pro Val Ile Gly Asp Arg

625 630 635 640

Leu Lys Val Ile Phe Leu Glu Asn Tyr Arg Val Thr Leu Ala Glu Lys

645 650 655

Ala Ile Pro Ser Ala Asp Leu Ser Glu Gln Ile Ser Thr Ala Gly Thr

660 665 670

Glu Ala Ser Gly Thr Gly Asn Met Lys Phe Met Leu Asn Gly Ala Leu
675 680 685

Thr Ile Gly Thr Met Asp Gly Ala Asn Val Glu Met Ala Glu Glu Ala
690 695 700

Gly Glu Lys Asn Leu Phe Ile Phe Gly Met Arg Val Glu Glu Val Asp
705 710 715 720

Ala Met Asp Ala Gly Lys Gly Tyr His Ala Ser Glu Tyr Tyr Asn Arg
725 730 735

Ile Pro Glu Leu Lys Gln Ala Met Asp Gln Ile Ser Gly Gly Phe Phe
740 745 750

Ser His Lys Gln Pro Asp Leu Phe Lys Glu Leu Val Asp Leu Leu Met
755 760 765

His His Asp Arg Phe Lys Val Phe Ala Asp Tyr Glu Ala Tyr Ile Lys
770 775 780

Ser Gln Asp Lys Val Asn Glu Leu Tyr Lys Lys Pro Lys Glu Trp Thr
785 790 795 800

Lys Met Val Ile His Asn Ile Ala Gly Cys Gly Lys Phe Ser Ser Asp
805 810 815

Arg Thr Ile Ser Gln Tyr Ala Arg Glu Ile Trp Gly Met Glu Pro Ser
820 825 830

Leu Glu Lys Ile Pro Ala Pro Asp Glu Gln Leu Lys
835 840

<210> 11

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Alpha-1,4 glucan phosphorylase fragment

<400> 11

Ile Pro Ala Pro Asp Glu Gln Leu Lys

1 5

<210> 12

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Alpha-1,4 glucan phosphorylase fragment

<400> 12

Gln Ile Ser Val Arg Gly Leu Ala Gly Val Glu Asn Val Ala Glu Leu

1 5 10 15

Lys

<210> 13

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Alpha-1,4 glucan phosphorylase fragment

<400> 13

Ala Ile Pro Ser Ala Asp Leu Ser Glu Gln Ile Ser Thr Ala Gly Thr

1 5 10 15

Glu Ala Ser Gly Thr Gly Asn Met Lys

20 25

<210> 14

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Alpha-1,4 glucan phosphorylase fragment

<400> 14

Asp Phe Tyr Glu Leu Asp Pro His Lys

1 5

<210> 15

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Alpha-1,4 glucan phosphorylase fragment

<400> 15

Phe Ala Val His Leu Glu Glu His Tyr Lys

1 5 10

<210> 16

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Alpha-1,4 glucan phosphorylase fragment

<400> 16

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

1 5 10 15

<210> 17

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Alpha-1,4 glucan phosphorylase fragment

<400> 17

Ile Pro Ala Pro Asp Glu Gln Leu Lys

1 5

<210>

18

<211> 2574

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Elongation factor 2

<400> 18

atggtgaact ttacagtgga ccagatccgt gccatcatgg acaagaaatc caacattcgt 60

aacatgtctg tgatcgctca cgtggaccac ggcaagtcca cgctgaccga ctccctggtg 120

tctaaagccg ggatcatcgc ggggtctcgc gccggagaga cacgcttcac agacactcgc 180

aaagacgagc aggagcgctg tattaccatc aagtccacgg ctatctcgat gtactatgag 240

ctgggggaaa acgacatggc cttcatcaag cagtctaagg atgggcttgg cttcctcatc 300

aacctgattg actcaccggg ccatgtggac ttctcctctg aggtcacagc cgcccttagg 360

gtcaccgacg gcgccctggt ggtggttgac tgcgtctcag gtgtgtgtgt gcagacagag 420

accgtgttga ggcaggccat tgctgagcgc atcaagccag tgctgatgat gaacaagatg 480

gaccgggccc tgctggagct gcagctggag cctgaggacc tgttccagac cttccagcgc 540

atcgtggaga atgtcaacgt catcattgcc acctacggag aggatgaagc gggaccaatg 600

ggtgccatca tgattgaccc tgtgattggt accgtggggt ttgggtctgg cctccacggc 660

tgggccttca ctctaaagca gtttgctgag atgtacgtga caaagttttc tgccggcaaa 720

gacacccagc tgggatcggc ggagaggtgt aagaaggtgg aggacatgat gaagaagctg 780

tgggggggaga ggttttttga cccagccact gggaagttca gtaagtccaa cctcggccct 840

gacggtaaga agctgccccg caccttctct cagctggtcc tggaccctat cttcaaggta 900

tttgatgcca tcatgaactt caagaaggat gagacagcca agctgataga gaagctggac 960

atcaagctgg actctgagga caaggagaag gagggcaagc ccctgttgaa ggcagtgatg 1020

cgtcgctggc tcccagccgg agaagccctg ctccagatga tcaccatcca cctgccctcc 1080

cccgtcacgg cccagaagta ccgctgtgag ctgctctacg agggaccagg agacgacgag 1140

gccgccatgg gtatcaagaa ctgcgacccc aaggctcccc tgatgatgta catatctaag 1200

atggtgccca ccacagacaa gggtcgcttc tatgcctttg gccgtgtgtt ctctggctgt 1260

gtgtccaccg gtctgaaggt gcgcatcatg ggaccaaact tcacccctgg gaagaaggaa 1320

gacctctaca tcaagcccat ccagaggacc attctgatga tggggcgtta tgtggagccc 1380

attgaggatg taccatgtgg gaacatcgtt gggctggttg gagttgacca gtatctgatt 1440

aagactggga ccatcaccac ctttgaacag gcccacaaca tgcgtgtgat gaagttcagc 1500

gtcagccctg tggtgagggt ggctgtggag gccaagaacc ctgctgacct gcccaagctg 1560

gtggaggggc tgaagcgtct ggccaagtct gaccccatgg tgcagtgtat catcgaggag 1620

tctggagagc acatcatcgc cggggccgga gagcttcatc tggagatctg tctcaaggat 1680

ctggaggagg accacgccgg cattcccctg aagaaatctg atccagtggt gtcctacagg 1740

gagactgtgt ctgaggagtc tgaagtgatg tgtctatcca agtcccctaa caagcacaac 1800

cgtctgtaca tgcgggctaa acctttccct gacggcctgg ccgaggacat cgagaagggg 1860

gacgtcagcc cccgacagga gctgaaaatc cgcgcccgtt tcctggctga caagtacgag 1920

tgggacgtgt cggaggcccg taagatctgg tgcttcggcc ctgacggtac cggtcccaac 1980

ctgctgatgg atgttaccaa gggagtccag tacctgaatg agatcaagga cagtgttgtg 2040

gctggcttcc agtgggctgt caaggagggt gtgttgtgtg aggagaacat gcgtgcagtc 2100

cgcttcgaca tccacgacgt gaccctgcac acagacgcaa ttcaccgcgg tggcggacag 2160

atcatcccca cggcccgcag agtgctgtat gcctgccagc tcaccgccca gccacgactc 2220

atggagccgg tctacttagt ggagatccag tgcccagagc aggtagtggg tgggatctac 2280

ggcgtgctga acaggaagcg aggccatgtg ttcgaggagt cccaggtgat gggcacgccc 2340

atgttcatcg tcaaggccta cctgcctgtc aacgagtcat ttgggttcac cgctgacctg 2400

cgctccaaca cgggcggcca ggctttcccc cagtgtgtgt ttgatcactg gcagatcctc 2460

cagggagatc cccaggaccc caccaccaag accgccattg tggtggccga gaccaggaaa 2520

cgcaaggggc tgaaagaggg catcccggcc ctggacaact acctggacaa attg 2574

<210> 19

<211> 858

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Elongation factor 2

<400> 19

Met Val Asn Phe Thr Val Asp Gln Ile Arg Ala Ile Met Asp Lys Lys
1 5 10 15

Ser Asn Ile Arg Asn Met Ser Val Ile Ala His Val Asp His Gly Lys
20 25 30

Ser Thr Leu Thr Asp Ser Leu Val Ser Lys Ala Gly Ile Ile Ala Gly
35 40 45

Ser Arg Ala Gly Glu Thr Arg Phe Thr Asp Thr Arg Lys Asp Glu Gln
50 55 60

Glu Arg Cys Ile Thr Ile Lys Ser Thr Ala Ile Ser Met Tyr Tyr Glu
65 70 75 80

Leu Gly Glu Asn Asp Met Ala Phe Ile Lys Gln Ser Lys Asp Gly Leu
85 90 95

Gly Phe Leu Ile Asn Leu Ile Asp Ser Pro Gly His Val Asp Phe Ser
100 105 110

Ser Glu Val Thr Ala Ala Leu Arg Val Thr Asp Gly Ala Leu Val Val
115 120 125

Val Asp Cys Val Ser Gly Val Cys Val Gln Thr Glu Thr Val Leu Arg
130 135 140

Gln Ala Ile Ala Glu Arg Ile Lys Pro Val Leu Met Met Asn Lys Met
145 150 155 160

Asp Arg Ala Leu Leu Glu Leu Gln Leu Glu Pro Glu Asp Leu Phe Gln
165 170 175

Thr Phe Gln Arg Ile Val Glu Asn Val Asn Val Ile Ile Ala Thr Tyr
180 185 190
Gly Glu Asp Glu Ala Gly Pro Met Gly Ala Ile Met Ile Asp Pro Val
195 200 205
Ile Gly Thr Val Gly Phe Gly Ser Gly Leu His Gly Trp Ala Phe Thr
210 215 220

Leu Lys Gln Phe Ala Glu Met Tyr Val Thr Lys Phe Ser Ala Gly Lys
225 230 235 240
Asp Thr Gln Leu Gly Ser Ala Glu Arg Cys Lys Lys Val Glu Asp Met
245 250 255
Met Lys Lys Leu Trp Gly Glu Arg Phe Phe Asp Pro Ala Thr Gly Lys
260 265 270
Phe Ser Lys Ser Asn Leu Gly Pro Asp Gly Lys Lys Leu Pro Arg Thr
275 280 285

Phe Ser Gln Leu Val Leu Asp Pro Ile Phe Lys Val Phe Asp Ala Ile
290 295 300
Met Asn Phe Lys Lys Asp Glu Thr Ala Lys Leu Ile Glu Lys Leu Asp
305 310 315 320
Ile Lys Leu Asp Ser Glu Asp Lys Glu Lys Glu Gly Lys Pro Leu Leu
325 330 335
Lys Ala Val Met Arg Arg Trp Leu Pro Ala Gly Glu Ala Leu Leu Gln
340 345 350

Met Ile Thr Ile His Leu Pro Ser Pro Val Thr Ala Gln Lys Tyr Arg
355 360 365
Cys Glu Leu Leu Tyr Glu Gly Pro Gly Asp Asp Glu Ala Ala Met Gly
370 375 380
Ile Lys Asn Cys Asp Pro Lys Ala Pro Leu Met Met Tyr Ile Ser Lys
385 390 395 400
Met Val Pro Thr Thr Asp Lys Gly Arg Phe Tyr Ala Phe Gly Arg Val
405 410 415

Phe Ser Gly Cys Val Ser Thr Gly Leu Lys Val Arg Ile Met Gly Pro

420 425 430

Asn Phe Thr Pro Gly Lys Lys Glu Asp Leu Tyr Ile Lys Pro Ile Gln

435 440 445

Arg Thr Ile Leu Met Met Gly Arg Tyr Val Glu Pro Ile Glu Asp Val

450 455 460

Pro Cys Gly Asn Ile Val Gly Leu Val Gly Val Asp Gln Tyr Leu Ile

465 470 475 480

Lys Thr Gly Thr Ile Thr Thr Phe Glu Gln Ala His Asn Met Arg Val

485 490 495

Met Lys Phe Ser Val Ser Pro Val Val Arg Val Ala Val Glu Ala Lys

500 505 510

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

515 520 525

Lys Ser Asp Pro Met Val Gln Cys Ile Ile Glu Glu Ser Gly Glu His

530 535 540

Ile Ile Ala Gly Ala Gly Glu Leu His Leu Glu Ile Cys Leu Lys Asp

545 550 555 560

Leu Glu Glu Asp His Ala Gly Ile Pro Leu Lys Lys Ser Asp Pro Val

565 570 575

Val Ser Tyr Arg Glu Thr Val Ser Glu Glu Ser Glu Val Met Cys Leu

580 585 590

Ser Lys Ser Pro Asn Lys His Asn Arg Leu Tyr Met Arg Ala Lys Pro

595 600 605

Phe Pro Asp Gly Leu Ala Glu Asp Ile Glu Lys Gly Asp Val Ser Pro

610 615 620

Arg Gln Glu Leu Lys Ile Arg Ala Arg Phe Leu Ala Asp Lys Tyr Glu

625 630 635 640

Trp Asp Val Ser Glu Ala Arg Lys Ile Trp Cys Phe Gly Pro Asp Gly

645 650 655

Thr Gly Pro Asn Leu Leu Met Asp Val Thr Lys Gly Val Gln Tyr Leu

660 665 670

Asn Glu Ile Lys Asp Ser Val Val Ala Gly Phe Gln Trp Ala Val Lys
675 680 685

Glu Gly Val Leu Cys Glu Glu Asn Met Arg Ala Val Arg Phe Asp Ile
690 695 700

His Asp Val Thr Leu His Thr Asp Ala Ile His Arg Gly Gly Gly Gln
705 710 715 720

Ile Ile Pro Thr Ala Arg Arg Val Leu Tyr Ala Cys Gln Leu Thr Ala
725 730 735

Gln Pro Arg Leu Met Glu Pro Val Tyr Leu Val Glu Ile Gln Cys Pro
740 745 750

Glu Gln Val Val Gly Gly Ile Tyr Gly Val Leu Asn Arg Lys Arg Gly
755 760 765

His Val Phe Glu Glu Ser Gln Val Met Gly Thr Pro Met Phe Ile Val
770 775 780

Lys Ala Tyr Leu Pro Val Asn Glu Ser Phe Gly Phe Thr Ala Asp Leu
785 790 795 800

Arg Ser Asn Thr Gly Gly Gln Ala Phe Pro Gln Cys Val Phe Asp His
805 810 815

Trp Gln Ile Leu Gln Gly Asp Pro Gln Asp Pro Thr Thr Lys Thr Ala
820 825 830

Ile Val Val Ala Glu Thr Arg Lys Arg Lys Gly Leu Lys Glu Gly Ile
835 840 845

Pro Ala Leu Asp Asn Tyr Leu Asp Lys Leu
850 855

<210> 20

<211> 10

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Elongation factor 2 fragment

<400> 20

Thr Ala Ile Val Val Ala Glu Thr Arg Lys
1 5 10

<210> 21

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Elongation factor 2 fragment

<400> 21

Asp Leu Glu Glu Asp His Ala Gly Ile Pro Leu Lys

1 5 10

<210> 22

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Elongation factor 2 fragment

<400>

22

Asp Leu Glu Glu Asp His Ala Gly Ile Pro Leu Lys Lys

1 5 10

<210> 23

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Elongation factor 2 fragment

<400> 23

Asp Ser Val Val Ala Gly Phe Gln Trp Ala Val Lys

1 5 10

<210> 24

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Elongation factor 2 fragment

<400> 24

Gly Asp Val Ser Pro Arg Gln Glu Leu Lys

1 5 10

<210> 25

<211> 1989

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Heat shock cognate 70 kDa protein

<400> 25

atgtcaaagg gaccagcagt tggcattgac ctgggcacca cctactcctg tgtgggtgtg 60

tttcagcatg gcaaagtgga gatcatagcc aacgaccagg gaaacaggac cacacccagt 120

tatgtcgcct tcacagacac agaaaggctg attggggacg cagccaagaa ccaagtggcc 180

atgaacccca caaacacagt gtttgatgct aagcggctga tagggcggaa gtttgacgac 240

agtgtcgtcc aggcagacat gaaacactgg ccgtttacag tgatcaacga ctcgacacgg 300

cccaaggtcc aagtggagta caagggagag accaaggcct tctacccaga ggagatctcc 360

tccatggtgc tggtcaagat gaaggagatt gcagaggcct acctgggcaa gactataacc 420

aatgcagtgg tcactgtgcc agcttacttc aacgactctc agcgccaggc caccaaagat 480

gcagggacta tctcaggact caacgtactc cgcatcatca atgagccaac tgctgctgct 540

atcgcctatg gcctggacaa gaaggtggga gtggagagaa acgtcctaat ctttgaccta 600

ggcggaggta cgtttgatgt gtctatcctg accatcgaag acgggatctt tgaggtgaag 660

tccacggccg gagacaccca tcttggagga gaggacttcg acaaccgcat ggtcaaccac 720

ttcatctctg agttcaagcg caaatacaag aaggacatca gcgataacaa gagggccgtg 780

cgtcgtctgc gcaccgcctg tgaacgtgcc aagcgcaccc tgtcctccag tacccaggcc 840

agcattgaga ttgactctct gtatgagggc gtcgacttct acacctccat caccagggct 900

cgctttgagg agctgaacgc tgacctgttc agaggcaccc tggaccccgt ggagaagtct 960

ctgagggacg ccaagatgga caaggcccag gttcacgaca tcgtcctagt gggaggctcc 1020

acacgcatcc ccaagatcca aaagttgctg caggacttct tcaatgggaa ggagctcaac 1080

aagagcatca accctgatga ggcggttgcc tatggtgcag ctgttcaggc ggccatcttg 1140

tccggagaca agtctgagaa cgtgcaggac ctgctgctgc tggacgtcac gccactgtcc 1200

ctgggcattg agacggccgg aggggtcatg accgtgctca tcaagaggaa caccaccatc 1260

cccaccaagc agacgcagac cttcacaaca tactcagaca accagcctgg ggtgctcatt 1320

caggtatatg agggggaaag agccatgacc aaagacaaca acctactggg gaagtttgag 1380

ttgtgtggga ttccaccagc cccccggggt gtgcctcaga tcgaggtcac ctttgacatt 1440

gacgccaacg gcatcatgaa cgtgtctgcc gctgacaaga gcaccggcaa ggagaataag 1500

atcaccatca ccaatgacaa aggtcgtctg agtaaggagg acatagagcg catggtccag 1560

gaggctgaac agtacaaagc tgcggacgat gtccagaggg acaaggtggc gtccaagaat 1620

ggcctggagt catacgcctt caacatgaag tccaccgtgg aggacgagaa gctcaagggc 1680

aagctcagcg acgaggacaa acagaagatc ctggacaaat gcaatgaggt catcagctgg 1740

ctggacaaga accagtctgc agagaaggag gagtttgagc accaccagaa ggagctggag 1800

aaggtctgta accccatcat caccaagctg taccagggtg ctgggggggat gcctggaggg 1860

atgcctggag ggatgcctgg agggatgcct ggagggatgc ctgggggggat gcctggaggg 1920

atgcccgggg ctggtggtgc cgcacccgga ggaggtggat cctctggacc aacaattgag 1980

gaagtcgac 1989

<210> 26

<211> 663

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Heat shock cognate 70 kDa protein

<400> 26

Met Ser Lys Gly Pro Ala Val Gly Ile Asp Leu Gly Thr Thr Tyr Ser
1 5 10 15

Cys Val Gly Val Phe Gln His Gly Lys Val Glu Ile Ile Ala Asn Asp
20 25 30

Gln Gly Asn Arg Thr Thr Pro Ser Tyr Val Ala Phe Thr Asp Thr Glu
35 40 45

Arg Leu Ile Gly Asp Ala Ala Lys Asn Gln Val Ala Met Asn Pro Thr
50 55 60

Asn Thr Val Phe Asp Ala Lys Arg Leu Ile Gly Arg Lys Phe Asp Asp
65 70 75 80

Ser Val Val Gln Ala Asp Met Lys His Trp Pro Phe Thr Val Ile Asn
85 90 95

Asp Ser Thr Arg Pro Lys Val Gln Val Glu Tyr Lys Gly Glu Thr Lys
100 105 110

Ala Phe Tyr Pro Glu Glu Ile Ser Ser Met Val Leu Val Lys Met Lys
115 120 125

Glu Ile Ala Glu Ala Tyr Leu Gly Lys Thr Ile Thr Asn Ala Val Val
130 135 140

Thr Val Pro Ala Tyr Phe Asn Asp Ser Gln Arg Gln Ala Thr Lys Asp
145 150 155 160
Ala Gly Thr Ile Ser Gly Leu Asn Val Leu Arg Ile Ile Asn Glu Pro

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

225 230 235 240
Phe Ile Ser Glu Phe Lys Arg Lys Tyr Lys Lys Asp Ile Ser Asp Asn
245 250 255
Lys Arg Ala Val Arg Arg Leu Arg Thr Ala Cys Glu Arg Ala Lys Arg
260 265 270
Thr Leu Ser Ser Ser Thr Gln Ala Ser Ile Glu Ile Asp Ser Leu Tyr
275 280 285
Glu Gly Val Asp Phe Tyr Thr Ser Ile Thr Arg Ala Arg Phe Glu Glu

290 295 300
Leu Asn Ala Asp Leu Phe Arg Gly Thr Leu Asp Pro Val Glu Lys Ser
305 310 315 320
Leu Arg Asp Ala Lys Met Asp Lys Ala Gln Val His Asp Ile Val Leu
325 330 335
Val Gly Gly Ser Thr Arg Ile Pro Lys Ile Gln Lys Leu Leu Gln Asp
340 345 350
Phe Phe Asn Gly Lys Glu Leu Asn Lys Ser Ile Asn Pro Asp Glu Ala

355 360 365
Val Ala Tyr Gly Ala Ala Val Gln Ala Ala Ile Leu Ser Gly Asp Lys
370 375 380
Ser Glu Asn Val Gln Asp Leu Leu Leu Leu Asp Val Thr Pro Leu Ser

385 390 395 400

Leu Gly Ile Glu Thr Ala Gly Gly Val Met Thr Val Leu Ile Lys Arg

405 410 415

Asn Thr Thr Ile Pro Thr Lys Gln Thr Gln Thr Phe Thr Thr Tyr Ser

420 425 430

Asp Asn Gln Pro Gly Val Leu Ile Gln Val Tyr Glu Gly Glu Arg Ala

435 440 445

Met Thr Lys Asp Asn Asn Leu Leu Gly Lys Phe Glu Leu Cys Gly Ile

450 455 460

Pro Pro Ala Pro Arg Gly Val Pro Gln Ile Glu Val Thr Phe Asp Ile

465 470 475 480

Asp Ala Asn Gly Ile Met Asn Val Ser Ala Ala Asp Lys Ser Thr Gly

485 490 495

Lys Glu Asn Lys Ile Thr Ile Thr Asn Asp Lys Gly Arg Leu Ser Lys

500 505 510

Glu Asp Ile Glu Arg Met Val Gln Glu Ala Glu Gln Tyr Lys Ala Ala

515 520 525

Asp Asp Val Gln Arg Asp Lys Val Ala Ser Lys Asn Gly Leu Glu Ser

530 535 540

Tyr Ala Phe Asn Met Lys Ser Thr Val Glu Asp Glu Lys Leu Lys Gly

545 550 555 560

Lys Leu Ser Asp Glu Asp Lys Gln Lys Ile Leu Asp Lys Cys Asn Glu

565 570 575

Val Ile Ser Trp Leu Asp Lys Asn Gln Ser Ala Glu Lys Glu Glu Phe

580 585 590

Glu His His Gln Lys Glu Leu Glu Lys Val Cys Asn Pro Ile Ile Thr

595 600 605

Lys Leu Tyr Gln Gly Ala Gly Gly Met Pro Gly Gly Met Pro Gly Gly

610 615 620

Met Pro Gly Gly Met Pro Gly Gly Met Pro Gly Gly Met Pro Gly Gly

625 630 635 640

Met Pro Gly Ala Gly Gly Ala Ala Pro Gly Gly Gly Gly Ser Ser Gly

645 650 655

Pro Thr Ile Glu Glu Val Asp

660

<210> 27

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Heat shock cognate 70 kDa protein fragment

<400> 27

Ala Phe Tyr Pro Glu Glu Ile Ser Ser Met Val Leu Val Lys

1 5 10

<210> 28

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Heat shock cognate 70 kDa protein fragment

<400> 28

Glu Asp Ile Glu Arg Met Val Gln Glu Ala Glu Gln Tyr Lys

1 5 10

<210> 29

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Heat shock cognate 70 kDa protein fragment

<400> 29

His Trp Pro Phe Thr Val Ile Asn Asp Ser Thr Arg Pro Lys

1 5 10

<210> 30

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Heat shock cognate 70 kDa protein fragment

<400> 30

Asn Gln Ser Ala Glu Lys Glu Glu Phe Glu His His Gln Lys

1 5 10

<210> 31

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Heat shock cognate 70 kDa protein fragment

<400> 31

Thr Ile Thr Asn Ala Val Val Thr Val Pro Ala Tyr Phe Asn Asp Ser

1 5 10 15

Gln Arg Gln Ala Thr Lys

20

<210> 32

<211> 2061

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin

<400> 32

atgaaactgc ttctcgtctc agcgctgctg gggtgcttcg ctacggtgta tgctgcccca 60

gctgagggaa tggttagatg gtgcgtaaag tcggaaaaag agctgaagaa atgccacgat 120

ctcgcagcca atgtggcggg gttttcatgc gtgaggaggg acgactctct tgaatgcatc 180

caagccatca agagggaaga ggctgatgct atcactctgg atggaggaga tatttacata 240

gctggcctcc acaactacaa cctgcagccc atcattgcag aggactatgg tgaggactct 300

gacacctgct attatgctgt ggccgtggcc aaaaagggca ctgaatttgg gttcctcgac 360

ctccgtggca agaagtcctg ccacaccggg ttgggcaaat ctgcaggctg gaacattccc 420

atcggtaccc tggtgactgt gggccagatc caatgggccg gcatcgagga cagacctgtg 480

gagtcggcgg tgagcgactt cttcaatgcc agctgtgctc caggagccaa tagggattct 540

caactgtgcc agttgtgtat gggagactgc tccagatctc acaacgagcc ctactatgac 600

tattccgggg ccttccagtg cctgaaggat ggagcaggag aggttgcctt catcaagcac 660

ctgactgtac ctgccgcaga gaaggcaagc tatgagttgc tgtgcaagga taacaccaga 720

gctcccatcg acagctacaa gacctgccac ctggccagag tacccgccca cgctgtggtc 780

agccgcaagg accccaggct ggccaatctc atctacagca agctgatggc cgtcacgaac 840

ttcaacctgt tctcctccga tggttatgct gccaagaacc tgatgttcaa ggactccact 900

cagaatctag tacagctgcc aatgaccacc gactccttcc tctacctggg agctgagtac 960

atgagcacta tacgctccct gacaaaagcg caggccacag gtgtcacctc cagggccatc 1020

aaatggtgtg ccgtgggcca taaggagaag gtcaagtgtg acgcctggac aatcaacagc 1080

ttcacagatg gtgactccag gatcgaatgc caggacgcac ccacagtgga tgaatgcatc 1140

aagaagatca tgcgtaaaga ggcagatgcc atagcggtgg atggtgggga ggtgttcact 1200

gctggaaaat gtggtctggt ccctgtcatg gtggagcagt atgatgaagt tcggtgcagc 1260

gcccctggtg aggcgtcatc ctactttgcg gtggcggtgg caaagagggg atctgggttg 1320

acctggacaa ccctgaaggg caagaggtca tgccacaccg gcttgggcag gaccgcaggc 1380

tggaacatac ccatgggtct tatccatagg aggactatga actgcgactt caccacatac 1440

ttcagtaagg gctgtgctcc tggatttgag gtggactctc ccttctgtgc ccagtgtaag 1500

ggcagtggga agtccgtggg aggagatggg tccaagtgca aagccagctc tgaagagcag 1560

tactacggct ataacggagc attcagatgt ctggttgaag atgctggaga tgttgccttc 1620

attaaacaca ctattgtacc agagatgact gatggtagtg gtccagtttg ggcacagaac 1680

ctgatgtcct ctgactttga actactctgc caggatggta ctaccaagcc agtcacacat 1740

ttccgtgagt gccacctggc caaggtgccc gcccatgctg tgataacacg cccagagtcc 1800

cgtggagagg ttgtgtccat ccttctggag cagcaggcca ggttcggctc aagcggcagc 1860

gattcctcat ttaatatgtt caagccagat tttggaaaga acttgctctt caaggattcc 1920

acaaagtgtc tccaggagat cccaagcggc accaaattcc agggtttcct tggggaagag 1980

tacatgatcg ccatgcaatc gctcagggag tgctccaaca gtacctcaga tttggagaag 2040

gcatgcactt tccattcctg c 2061

<210> 33

<211> 687

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin

<400> 33

Met Lys Leu Leu Leu Val Ser Ala Leu Leu Gly Cys Phe Ala Thr Val

1 5 10 15

Tyr Ala Ala Pro Ala Glu Gly Met Val Arg Trp Cys Val Lys Ser Glu

```
            20                  25                  30
Lys Glu Leu Lys Lys Cys His Asp Leu Ala Ala Asn Val Ala Gly Phe
        35                  40                  45
Ser Cys Val Arg Arg Asp Asp Ser Leu Glu Cys Ile Gln Ala Ile Lys
    50                  55                  60
Arg Glu Glu Ala Asp Ala Ile Thr Leu Asp Gly Gly Asp Ile Tyr Ile
65                  70                  75                  80
Ala Gly Leu His Asn Tyr Asn Leu Gln Pro Ile Ile Ala Glu Asp Tyr

                85                  90                  95
Gly Glu Asp Ser Asp Thr Cys Tyr Tyr Ala Val Ala Val Ala Lys Lys
            100                 105                 110
Gly Thr Glu Phe Gly Phe Leu Asp Leu Arg Gly Lys Lys Ser Cys His
        115                 120                 125
Thr Gly Leu Gly Lys Ser Ala Gly Trp Asn Ile Pro Ile Gly Thr Leu
    130                 135                 140
Val Thr Val Gly Gln Ile Gln Trp Ala Gly Ile Glu Asp Arg Pro Val

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

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

Ser Lys Leu Met Ala Val Thr Asn Phe Asn Leu Phe Ser Ser Asp Gly

275 280 285

Tyr Ala Ala Lys Asn Leu Met Phe Lys Asp Ser Thr Gln Asn Leu Val

290 295 300

Gln Leu Pro Met Thr Thr Asp Ser Phe Leu Tyr Leu Gly Ala Glu Tyr

305 310 315 320

Met Ser Thr Ile Arg Ser Leu Thr Lys Ala Gln Ala Thr Gly Val Thr

325 330 335

Ser Arg Ala Ile Lys Trp Cys Ala Val Gly His Lys Glu Lys Val Lys

340 345 350

Cys Asp Ala Trp Thr Ile Asn Ser Phe Thr Asp Gly Asp Ser Arg Ile

355 360 365

Glu Cys Gln Asp Ala Pro Thr Val Asp Glu Cys Ile Lys Lys Ile Met

370 375 380

Arg Lys Glu Ala Asp Ala Ile Ala Val Asp Gly Gly Glu Val Phe Thr

385 390 395 400

Ala Gly Lys Cys Gly Leu Val Pro Val Met Val Glu Gln Tyr Asp Glu

405 410 415

Val Arg Cys Ser Ala Pro Gly Glu Ala Ser Ser Tyr Phe Ala Val Ala

420 425 430

Val Ala Lys Arg Gly Ser Gly Leu Thr Trp Thr Thr Leu Lys Gly Lys

435 440 445

Arg Ser Cys His Thr Gly Leu Gly Arg Thr Ala Gly Trp Asn Ile Pro

450 455 460

Met Gly Leu Ile His Arg Arg Thr Met Asn Cys Asp Phe Thr Thr Tyr

465 470 475 480

Phe Ser Lys Gly Cys Ala Pro Gly Phe Glu Val Asp Ser Pro Phe Cys

485 490 495

Ala Gln Cys Lys Gly Ser Gly Lys Ser Val Gly Gly Asp Gly Ser Lys

500 505 510

Cys Lys Ala Ser Ser Glu Glu Gln Tyr Tyr Gly Tyr Asn Gly Ala Phe

515 520 525

Arg Cys Leu Val Glu Asp Ala Gly Asp Val Ala Phe Ile Lys His Thr

530 535 540

Ile Val Pro Glu Met Thr Asp Gly Ser Gly Pro Val Trp Ala Gln Asn

545 550 555 560

Leu Met Ser Ser Asp Phe Glu Leu Leu Cys Gln Asp Gly Thr Thr Lys

565 570 575

Pro Val Thr His Phe Arg Glu Cys His Leu Ala Lys Val Pro Ala His

580 585 590

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

595 600 605

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

610 615 620

Asn Met Phe Lys Pro Asp Phe Gly Lys Asn Leu Leu Phe Lys Asp Ser

625 630 635 640

Thr Lys Cys Leu Gln Glu Ile Pro Ser Gly Thr Lys Phe Gln Gly Phe

645 650 655

Leu Gly Glu Glu Tyr Met Ile Ala Met Gln Ser Leu Arg Glu Cys Ser

660 665 670

Asn Ser Thr Ser Asp Leu Glu Lys Ala Cys Thr Phe His Ser Cys

675 680 685

<210> 34

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin fragment

<400> 34

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

1 5 10

<210> 35

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin fragment

<400> 35

Ala Thr Gly Val Thr Ser Arg Ala Ile Lys

1 5 10

<210> 36

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin fragment

<400> 36

Asp Pro Arg Leu Ala Asn Leu Ile Tyr Ser Lys

1 5 10

<210> 37

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin fragment

<400> 37

Gly Thr Glu Phe Gly Phe Leu Asp Leu Arg Gly Lys

1 5 10

<210> 38

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin fragment

<400> 38

Lys Gly Thr Glu Phe Gly Phe Leu Asp Leu Arg Gly Lys

1 5 10

<210> 39

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin fragment

<400> 39

Lys Gly Thr Glu Phe Gly Phe Leu Asp Leu Arg Gly Lys Lys

1 5 10

<210> 40

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin fragment

<400> 40

Leu Met Ala Val Thr Asn Phe Asn Leu Phe Ser Ser Asp Gly Tyr Ala

1 5 10 15

Ala Lys

<210> 41

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Serotransferrin fragment

<400> 41

Arg Gly Ser Gly Leu Thr Trp Thr Thr Leu Lys

1 5 10

<210> 42

<211> 1518

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like

<400> 42

atgcctgcga agcctgcccc tatcaagaag gcagccccga aagagcctgc tcctaagaag 60

gaggaagcac ctgcacctgc acccgcggag gcggctcctg ctgaagttgc tccccctgcc 120

gaggtcgaag ctccaccggc agaggctgcc cctgccgaag cagctgcccc tgctgaggca 180

gctccaaccg aagaaaaggc tcccgcagaa cccgcgcctg agcagcccaa agcacccaca 240

ccccctcctc cagatgagcc caccagtgag cccctggaag tgacagtgga cgacaagagc 300

gacacttcag tgaccatcac ctggaggcct ccaaagacta ttccagccaa ctctggcctg 360

gatggataca ctgtggaaat caccaaggag ggaactgaag actggaaagc agccaacgag 420

gatctgaccg tgtcctgccg ttatgtcatc aagaaccaga ctaccggcga ccgtctgctg 480

atccgagtgg ttgctgtaaa ccctggtggc cgcagccccc ctgctaccat cgccgacccc 540

gttctggtca aggaggttgg ggctcgcccc aaagtccgcc tccctcgttt cctgaggcag 600

aggtatgtca agaaagtcgg cgagaagatc aacattgtca tcccgtactc tggcaaacct 660

aagccagtgg ttagctggtt aaaggatgga cagcccctcg actcaaagag ggccaacatc 720

cgtacatctg acagagacag catcctgttc atccgtcaag cagagagggt ggactctggc 780

tcatacgaaa tgtgcgtgaa ggtggacgac tttgaggaca aagctgctat catcatccag 840

attattgagt tacccgggcc accagccagc attaagattg tggatgtctg gggattcaac 900

gttgctttgg agtggaccgt acccaaagat aatggaaaca cagagatcac aggctacact 960

gtccagaaag ctgacaagaa gaccggggac tggttcaaca ttttggagca ctacgccaga 1020

ctaaatgcca ccatctcaga cctcattatg ggcaacacct acaccttcag ggtctttgca 1080

gagaacaagt gcggactcag tgaggaatgt gccgtgacca agggagaagc caccattgtg 1140

aaggaggtta ttgactacaa acctaccccg ttcgtggagc atgacttcac cgaggctccc 1200

aagttcacca ctgttctgaa cgacaggtcc accactgttg gctacagcac caagctgctg 1260

tgttctgtga ggggatgccc caagcctaag attatgtgga tgaagaacaa gatgattctc 1320

aacaacatgg acaaccccaa gtacaggatg atcagcacag ggggcatctg caccctggag 1380

atccgtaagc ctggcccata cgacggtggt gagtatgtct gcagagccga gaatacactg 1440

gggaaggtcg acaccggctg caagctggag gtcagaaagc ctgggcaagc agatgctgac 1500

aaagacaaga aggaacag 1518

<210> 43

<211> 506

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like

<400> 43

Met Pro Ala Lys Pro Ala Pro Ile Lys Lys Ala Ala Pro Lys Glu Pro

1 5 10 15

Ala Pro Lys Lys Glu Glu Ala Pro Ala Pro Ala Pro Ala Glu Ala Ala

20 25 30

Pro Ala Glu Val Ala Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Pro Pro Ala Glu

35 40 45

Ala Ala Pro Ala Glu Ala Ala Ala Pro Ala Glu Ala Ala Pro Thr Glu

50 55 60

Glu Lys Ala Pro Ala Glu Pro Ala Pro Glu Gln Pro Lys Ala Pro Thr

65 70 75 80

Pro Pro Pro Pro Asp Glu Pro Thr Ser Glu Pro Leu Glu Val Thr Val

85 90 95

Asp Asp Lys Ser Asp Thr Ser Val Thr Ile Thr Trp Arg Pro Pro Lys

100 105 110

Thr Ile Pro Ala Asn Ser Gly Leu Asp Gly Tyr Thr Val Glu Ile Thr

115 120 125

Lys Glu Gly Thr Glu Asp Trp Lys Ala Ala Asn Glu Asp Leu Thr Val

130 135 140

Ser Cys Arg Tyr Val Ile Lys Asn Gln Thr Thr Gly Asp Arg Leu Leu

145 150 155 160

Ile Arg Val Val Ala Val Asn Pro Gly Gly Arg Ser Pro Pro Ala Thr

165 170 175

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

180 185 190

Arg Leu Pro Arg Phe Leu Arg Gln Arg Tyr Val Lys Lys Val Gly Glu

195 200 205

Lys Ile Asn Ile Val Ile Pro Tyr Ser Gly Lys Pro Lys Pro Val Val

210 215 220

Ser Trp Leu Lys Asp Gly Gln Pro Leu Asp Ser Lys Arg Ala Asn Ile

225 230 235 240

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

245 250 255

Val Asp Ser Gly Ser Tyr Glu Met Cys Val Lys Val Asp Asp Phe Glu

260 265 270

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

275 280 285

Ala Ser Ile Lys Ile Val Asp Val Trp Gly Phe Asn Val Ala Leu Glu

290 295 300

Trp Thr Val Pro Lys Asp Asn Gly Asn Thr Glu Ile Thr Gly Tyr Thr

305 310 315 320

Val Gln Lys Ala Asp Lys Lys Thr Gly Asp Trp Phe Asn Ile Leu Glu

325 330 335

His Tyr Ala Arg Leu Asn Ala Thr Ile Ser Asp Leu Ile Met Gly Asn

340 345 350

Thr Tyr Thr Phe Arg Val Phe Ala Glu Asn Lys Cys Gly Leu Ser Glu

355 360 365

Glu Cys Ala Val Thr Lys Gly Glu Ala Thr Ile Val Lys Glu Val Ile

370 375 380

Asp Tyr Lys Pro Thr Pro Phe Val Glu His Asp Phe Thr Glu Ala Pro

385 390 395 400

Lys Phe Thr Thr Val Leu Asn Asp Arg Ser Thr Thr Val Gly Tyr Ser

405 410 415

Thr Lys Leu Leu Cys Ser Val Arg Gly Cys Pro Lys Pro Lys Ile Met

420 425 430

Trp Met Lys Asn Lys Met Ile Leu Asn Asn Met Asp Asn Pro Lys Tyr

435 440 445

Arg Met Ile Ser Thr Gly Gly Ile Cys Thr Leu Glu Ile Arg Lys Pro

450 455 460

Gly Pro Tyr Asp Gly Gly Glu Tyr Val Cys Arg Ala Glu Asn Thr Leu

465 470 475 480

Gly Lys Val Asp Thr Gly Cys Lys Leu Glu Val Arg Lys Pro Gly Gln

485 490 495

Ala Asp Ala Asp Lys Asp Lys Lys Glu Gln

500 505

<210> 44

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 44

Ala Ala Ile Ile Ile Gln Ile Ile Glu Leu Pro Gly Pro Pro Ala Ser
1 5 10 15
Ile Lys

<210> 45

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 45

Ala Ala Pro Ala Glu Ala Ala Ala Pro Ala Glu Ala Ala Pro Thr Glu
1 5 10 15
Glu Lys

<210> 46

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 46

Ala Pro Ala Glu Pro Ala Pro Glu Gln Pro Lys
1 5 10

<210> 47

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 47

Asp Asn Gly Asn Thr Glu Ile Thr Gly Tyr Thr Val Gln Lys
1 5 10

<210> 48

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 48

Glu Val Ile Asp Tyr Lys Pro Thr Pro Phe Val Glu His Asp Phe Thr

1 5 10 15

Glu Ala Pro Lys

20

<210> 49

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 49

Phe Thr Thr Val Leu Asn Asp Arg Ser Thr Thr Val Gly Tyr Ser Thr

1 5 10 15

Lys

<210> 50

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 50

Ile Asn Ile Val Ile Pro Tyr Ser Gly Lys

1 5 10

<210> 51

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 51

Ile Asn Ile Val Ile Pro Tyr Ser Gly Lys Pro Lys Pro Val Val Ser

1 5 10 15

Trp Leu Lys

<210> 52

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 52

Asn Gln Thr Thr Gly Asp Arg Leu Leu Ile Arg Val Val Ala Val Asn

1 5 10 15

Pro Gly Gly Arg Ser Pro Pro Ala Thr Ile Ala Asp Pro Val Leu Val

20 25 30

Lys

<210> 53

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 53

Ser Asp Thr Ser Val Thr Ile Thr Trp Arg Pro Pro Lys

1 5 10

<210> 54

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Myosin binding protein H-like fragment

<400> 54

Thr Ile Pro Ala Asn Ser Gly Leu Asp Gly Tyr Thr Val Glu Ile Thr

1 5 10 15

Lys

<210> 55

<211> 1377

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Desmin (fragment)

<400> 55

atttcctctt accgccgcac tttcggttct ggtattggat ccaccccagg catgtcctcc 60

atgttctccc acggtggacg cggctcctcc ggctcggccc acatgtcctc cagagtctac 120

gagatgacca aaagctccgc ccgccccagc tactcctccg gcagtattcg ctcctcctcc 180

ggcggcgcga tgcgctcgta cgccgggatg ggcgagaagc tggacttcaa cctggccgac 240

gccactaacc gcgacttcct ggacaccaga accaatgaga aggcagagtt gcagcacctg 300

aacgaccggt tcgccagcta catcgagaag gtccgtttcc tggagcagca gaacgctact 360

ctggtggtgg agatcgagag gctgaggggt cacgagccga cccgcgtggc cgagatgtac 420

gaggaggaga tgagagagct gaggcgtcag gtggacggca tgtccaatga ccgagcccgc 480

atggaggtgg agagagacaa cttggctgac gacctgcaga aactcaaact cagactgcag 540

gaggtgatcc accagaggga agaggcagag aacaacctgt ctgccttcag agctgacgtg 600

gactctgcca cgctggccag gctggacctg gagagacgca ttgaaagcct gcaggaggag 660

atcaccttcc tcaagaagat ccacgaggag gagatccatg agctgacgag ccagatgcag 720

gagacctcgg tgcaggtcca gatggacatg tccaaaccag acctgaccgt tgccctcagg 780

gacatccgta tgcagtacga gggtatcgca gccaagaaca tctctgaggc agaggactgg 840

tacaagtcca aggtgtcaga cctgaaccag gctgtgaaca agaacaacga tgctctgaga 900

caggccaaac aggagagcat ggagttcagg catcagatcc agtcctacac ctgtgagatc 960

gactctctca agggaaccaa cgagtctctg ctgaggcaga tgagggagat ggaggatcgt 1020

ctgggaaacg aggctggagg ttaccaggac tccgtcaccc gtctggaggc tgagatcgcc 1080

aagatgaagg atgagatggc tcgtcacctc agagagtacc aggacctcct caatgtcaag 1140

atggccctgg atatagagat cgctacctac aggaagctac tggagggaga ggagagccga 1200

atcactgtat ctggctccaa gtcttctcac tctggctccc actctgctgc ctcattatat 1260

tccactgttg gattcagaga gaccagccca gacgtcggac gatcagcaga ggtccactcc 1320

aagaagactg tcctgatcaa gaccatcgag acccgcgatg gagaggtcgt cagcgag 1377

<210> 56

<211> 459

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Desmin (fragment)

<400> 56

Ile Ser Ser Tyr Arg Arg Thr Phe Gly Ser Gly Ile Gly Ser Thr Pro
1 5 10 15

Gly Met Ser Ser Met Phe Ser His Gly Gly Arg Gly Ser Ser Gly Ser
20 25 30

Ala His Met Ser Ser Arg Val Tyr Glu Met Thr Lys Ser Ser Ala Arg
35 40 45

Pro Ser Tyr Ser Ser Gly Ser Ile Arg Ser Ser Ser Gly Gly Ala Met
50 55 60

Arg Ser Tyr Ala Gly Met Gly Glu Lys Leu Asp Phe Asn Leu Ala Asp
65 70 75 80

Ala Thr Asn Arg Asp Phe Leu Asp Thr Arg Thr Asn Glu Lys Ala Glu
85 90 95

Leu Gln His Leu Asn Asp Arg Phe Ala Ser Tyr Ile Glu Lys Val Arg
100 105 110

Phe Leu Glu Gln Gln Asn Ala Thr Leu Val Val Glu Ile Glu Arg Leu
115 120 125

Arg Gly His Glu Pro Thr Arg Val Ala Glu Met Tyr Glu Glu Glu Met
130 135 140

Arg Glu Leu Arg Arg Gln Val Asp Gly Met Ser Asn Asp Arg Ala Arg
145 150 155 160

Met Glu Val Glu Arg Asp Asn Leu Ala Asp Asp Leu Gln Lys Leu Lys
165 170 175

Leu Arg Leu Gln Glu Val Ile His Gln Arg Glu Glu Ala Glu Asn Asn
180 185 190

Leu Ser Ala Phe Arg Ala Asp Val Asp Ser Ala Thr Leu Ala Arg Leu
195 200 205

Asp Leu Glu Arg Arg Ile Glu Ser Leu Gln Glu Glu Ile Thr Phe Leu

210 215 220

Lys Lys Ile His Glu Glu Glu Ile His Glu Leu Thr Ser Gln Met Gln

225 230 235 240

Glu Thr Ser Val Gln Val Gln Met Asp Met Ser Lys Pro Asp Leu Thr

245 250 255

Val Ala Leu Arg Asp Ile Arg Met Gln Tyr Glu Gly Ile Ala Ala Lys

260 265 270

Asn Ile Ser Glu Ala Glu Asp Trp Tyr Lys Ser Lys Val Ser Asp Leu

275 280 285

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

290 295 300

Glu Ser Met Glu Phe Arg His Gln Ile Gln Ser Tyr Thr Cys Glu Ile

305 310 315 320

Asp Ser Leu Lys Gly Thr Asn Glu Ser Leu Leu Arg Gln Met Arg Glu

325 330 335

Met Glu Asp Arg Leu Gly Asn Glu Ala Gly Gly Tyr Gln Asp Ser Val

340 345 350

Thr Arg Leu Glu Ala Glu Ile Ala Lys Met Lys Asp Glu Met Ala Arg

355 360 365

His Leu Arg Glu Tyr Gln Asp Leu Leu Asn Val Lys Met Ala Leu Asp

370 375 380

Ile Glu Ile Ala Thr Tyr Arg Lys Leu Leu Glu Gly Glu Glu Ser Arg

385 390 395 400

Ile Thr Val Ser Gly Ser Lys Ser Ser His Ser Gly Ser His Ser Ala

405 410 415

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

420 425 430

Gly Arg Ser Ala Glu Val His Ser Lys Lys Thr Val Leu Ile Lys Thr

435 440 445

Ile Glu Thr Arg Asp Gly Glu Val Val Ser Glu

450 455

<210> 57

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> A part of Desmin (fragment)

<400> 57

Asp Glu Met Ala Arg His Leu Arg Glu Tyr Gln Asp Leu Leu Asn Val

1 5 10 15

Lys

<210> 58

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> A part of Desmin (fragment)

<400> 58

Leu Asp Phe Asn Leu Ala Asp Ala Thr Asn Arg Asp Phe Leu Asp Thr

1 5 10 15

Arg Thr Asn Glu Lys

20

<210> 59

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> A part of Desmin (fragment)

<400> 59

Asn Ile Ser Glu Ala Glu Asp Trp Tyr Lys

1 5 10

<210> 60

<211> 822

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta

<400> 60

atgaatgacc agcagctgga ctgtgctctg gacctgatga ggcgtcttcc tccccagcag 60

atcgagaaga atctcagtga cctcatcgac ctggtgccca gtctgtgtga ggacctactc 120

tcctctgtgg accagcctct gaagatcgcc cgggacaagg tagtggggaa agactacctg 180

ctctgtgact ataacagaga cggtgactcc tacagatccc catggagtaa taagtatgag 240

ccacccatcg acgatggtgc catgccatct gcccgcctgc gcaaactaga ggtggaagcc 300

aacaatgcct ttgaccagta tagagacctg tactttgagg gtggcgtatc gtctgtgtat 360

ctgtgggact tggatcatgg ctttgctggg gtcatcctca tcaagaaggc tggagacggc 420

tccaagaaga tcaaaggctg ctgggactcc atccatgtgg tggaggtgca ggagaagtcc 480

agcggacgga ccgctcacta caaactcacc tccaccgtca tgctgtggct ccagacgacc 540

aaggccgggt ctggaaccat gaacctgggt ggcagtctga caagacagat ggagaaagac 600

gagacagttg gagagtcttc cccacatatt gccaacatcg gccgcctggt ggaggatatg 660

gagaataaga ttcgctccac tctcaacgag atctactttg ggaagaccaa ggacatcgtc 720

aatggtttaa gatctattga ctctctgcct gataaccaaa agtaccggca gctccagaag 780

gagctgtctc aggtccttac ccagcgccag atcttcattg ac 822

<210> 61

<211> 274

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta

<400> 61

Met Asn Asp Gln Gln Leu Asp Cys Ala Leu Asp Leu Met Arg Arg Leu
1 5 10 15

Pro Pro Gln Gln Ile Glu Lys Asn Leu Ser Asp Leu Ile Asp Leu Val
20 25 30

Pro Ser Leu Cys Glu Asp Leu Leu Ser Ser Val Asp Gln Pro Leu Lys
35 40 45

Ile Ala Arg Asp Lys Val Val Gly Lys Asp Tyr Leu Leu Cys Asp Tyr
50 55 60

Asn Arg Asp Gly Asp Ser Tyr Arg Ser Pro Trp Ser Asn Lys Tyr Glu
65 70 75 80

Pro Pro Ile Asp Asp Gly Ala Met Pro Ser Ala Arg Leu Arg Lys Leu
85 90 95

Glu Val Glu Ala Asn Asn Ala Phe Asp Gln Tyr Arg Asp Leu Tyr Phe
100 105 110
Glu Gly Gly Val Ser Ser Val Tyr Leu Trp Asp Leu Asp His Gly Phe
115 120 125
Ala Gly Val Ile Leu Ile Lys Lys Ala Gly Asp Gly Ser Lys Lys Ile
130 135 140
Lys Gly Cys Trp Asp Ser Ile His Val Val Glu Val Gln Glu Lys Ser
145 150 155 160

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

Arg Ser Thr Leu Asn Glu Ile Tyr Phe Gly Lys Thr Lys Asp Ile Val
225 230 235 240
Asn Gly Leu Arg Ser Ile Asp Ser Leu Pro Asp Asn Gln Lys Tyr Arg
245 250 255
Gln Leu Gln Lys Glu Leu Ser Gln Val Leu Thr Gln Arg Gln Ile Phe
260 265 270
Ile Asp

<210> 62
<211> 24
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta fragment

<400> 62

Asp Glu Thr Val Gly Glu Ser Ser Pro His Ile Ala Asn Ile Gly Arg

1 5 10 15

Leu Val Glu Asp Met Glu Asn Lys

20

<210> 63

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta fragment

<400> 63

Asp Ile Val Asn Gly Leu Arg Ser Ile Asp Ser Leu Pro Asp Asn Gln

1 5 10 15

Lys

<210> 64

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta fragment

<400> 64

Glu Leu Ser Gln Val Leu Thr Gln Arg Gln Ile Phe Ile Asp

1 5 10

<210> 65

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta fragment

<400> 65

Ile Arg Ser Thr Leu Asn Glu Ile Tyr Phe Gly Lys

1 5 10

<210> 66

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta fragment

<400> 66

Leu Thr Ser Thr Val Met Leu Trp Leu Gln Thr Thr Lys

1 5 10

<210> 67

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta fragment

<400> 67

Ser Ile Asp Ser Leu Pro Asp Asn Gln Lys

1 5 10

<210> 68

<

211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Capping protein (Actin filament) muscle Z-line beta fragment

<400> 68

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

1 5 10 15

Lys

<210> 69

<211> 5799

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like

<400> 69

atgagtacgg acgcggagat gcaagtctac ggcaaggctg ccatatacct tcgtaagtct 60

gagaaggaga ggatggaggc acaagccatg ccctttgatt caaagaacgc ctgctatgtg 120

acagacaagg tggagctgta ccttaagggt ttagtcactg ccagggccga cgggaagtgt 180

actgtgacag ctttagactt tcgtgaagga aaagagttca aagatgcaga catctatgag 240

atgaaccccc ctaagtacga caagattgag gacatggcca tgatgaccta cctgaatgaa 300

gcctctgtgt tgtataacct caaagagcgt tatgcagcat ggatgatcta tacctactct 360

gggctcttct gtgccacggt gaacccctac aagtggctcc cagtgtacga cgaagaggtt 420

gtcaacgcct acagagggaa gaagagggtg gaggctccac cacatatctt ctccgtctct 480

gacaacgcct ttcagttcat gatgattgat aaggagaacc agtccgtcct gattactgga 540

gaatccggtg caggaaagac tgtcaacacc aagcgtgtca tccagtactt tgccaccatt 600

gcagtgtctg gtggcaagaa ggaagcagac cccaacaaaa tgcaggggtc tcttgaggat 660

cagatcattg cagctaaccc tctgctagag tcttacggta atgccaagac agtgaggaac 720

gacaactcgt ctcgctttgg taaattcatc aggattcact tccaagctgg taaactggct 780

aaagctgaca ttgagaccta cctgctggag aagtccagag tgtccttcca actgcccgat 840

gagagaggct accacatctt cttccagatg atgacaggcc acaaacctga gctagttgaa 900

ttggcactcc tcaccaccaa cccctacgac ttccccatgt gcagccaggg tcagattgct 960

gtggccagca tcaacgacaa tgaagagctg gatgccacag atgaagccat tacaatcctg 1020

ggcttcacta atgaggagaa gcttggaata tacaagctga caggagctgt agtgcaccat 1080

ggcaacttga aattcaagca gaagcagcgt gaggagcagg ccgagccaga cggcacagag 1140

gtggctgata aaatcgccta cctgctgggc ctgaactcag ctgagatgtt gaaagctctg 1200

tgctacccca gagtgaaggt cggcaacgag tatgtgacca agggacagac tgtggctcag 1260

gttaataact cagtcagtgc tctggccaag tccatctatg agaggatgtt cttgtggatg 1320

gtcatccgta tcaatgagat gttggacacc aagaatccaa ggcagttcta tatcggtgtg 1380

cttgacattg ccgggtttga gatctttgat tacaacagca tggagcagct gtgcatcaac 1440

ttcaccaatg agaaactgca acagtttttc aaccacacca tgttcgtcct ggagcaagag 1500

gagtacaaga aggagggaat cgtctgggcc ttcattgact tcggcatgga tttggctgcc 1560

tgcattgagc ttattgagaa gccattgggc atcttctcca tccttgaaga ggagtgcatg 1620

ttccccaagt cttcagacac taccttcaag gacaagctgt acgcccagca tcttggtaaa 1680

acaaaggcgt ttgagaagcc caagcctgcc aaaggcaagg cagaggccca cttctccctg 1740

gtgcattacg ccggtactgt ggactacaac atcactggct ggctggagaa gaacaaggac 1800

cccttgaacg actcagtttg tcaactgtat gggaagtccg gagtcaaaat tttggctgcc 1860

ctgtatcccc ctccccctcc tgaggataaa gccaagaaag gaggcaagaa gaagggtggt 1920

tccatgcaga ctgtgtcctc ccagttcagg gagaacttac ataagctgat gaccaacttg 1980

aggagcactc atcctcactt tgtgcgctgc ctgatcccca acgagtcaaa gactccaggt 2040

ctgatggaga acttcctggt tatccaccag ctcaggtgta atggtgtact ggagggtatc 2100

aggatctgca gaaagggctt ccccagcaga atcatctatg ctgacttcaa gcaaaggtac 2160

aaagtactga atgccagcgt catccctgag ggccagttca tggacaacaa gaaggcttct 2220

gagaagctgc ttggatccat tgatgtgaat cacgaggatt acaagtttgg acacaccaag 2280

gtgttcttca aagccggtct gctgggtgtc ctggaggaga tgagagatga gaagctggcc 2340

tctctagtcg gcatgctcca ggctctcagc cgtggattcc tcatgaggag agagttcacc 2400

aagatgatgg agaggagaga atcaatttac tccatccagt acaacatccg ctcattcatg 2460

aatgtgaaaa cctggccatg gatgaagttg tacttcaaga tcaagcccct gctgcagagc 2520

gctgagactg agaaggagct ggccaacatg aaggagaact atgagaaaat gaagacagac 2580

ctggccaagg ctctgtctac aaagaagcaa atggaggaga agttggtgtc cctgacgcag 2640

gagaagaacg acctggcact ccaagtcgca tctgaaggag agagtctgaa cgatgctgag 2700

gaaaggtgcg aggggctcat caagagcaag atccagcagg aggccaaact caaagagacg 2760

accgagaggc tggaggatga ggaggagatc aatgctgagt tgactgccaa gaagaggaag 2820

ctggaggatg agtgctctga gctgaagaag gacattgatg atctggagct caccctggcc 2880

aaagtggaga aggagaagca cgccactgaa aacaaggtta aaaacctgac agaggagatg 2940

gcgtctatgg atgagagtgt tgccaagctg accaaggaga agaaagccct acaagaggcc 3000

caccagcaga cactggatga cctgcaggca gaggaggaca aagtcaacac tctgaccaag 3060

gccaagacca agctggaaca gcaagtggac gaccttgagg gttctctgga gcaagagaag 3120

aagctccgca tggaccttga gagatccaag agaaagctgg agggagatct gaaactggcc 3180

caggagtcca taatggacct ggagaatgac aagcagcaag ctgatgagaa aatcaagaag 3240

aaggagtttg agaccactca gctcctcagc aaggttgagg atgagcagtc tctgggagct 3300

cagctgcaga agaagatcaa ggaactccag gcccgtattg aggaactgga ggaggaaatt 3360

gaggctgagc gtgctgccag ggctaaggtt gagaagcaga gggctgatct ctccagggaa 3420

cttgaggaga tcagcgagag gctggaggag gccggaggcg ccactgctgc tcagattgag 3480

atgaacaaga agcgtgaggc tgagttccag aagctgcgtc gtgatcttga agagtccacc 3540

ctgcagcatg aggccacagc cgccgctctg cgcaagaagc aggccgacag tgtggctgag 3600

ctcggggagc agatcgacaa cctgcagcgc gtcaagcaga agctggagaa ggagaagagc 3660

gagtacaaga tggagattga tgacctctcc agcaacatgg aggccgttgc caaggctaag 3720

ggcaatctag agaagatgtg ccgtactctt gaggaccagc tgagcgagct caagactaag 3780

aatgatgaga atgttcgcca ggtcaacgac atcagcggac agagggccag actcctgaca 3840

gaaaatggtg agtttggtag gcagctggag gagaaggaag ccctggtgtc tcagctgacc 3900

agaggcaaac aggccttcac ccagcaggtg gaggagctga agagggcgat tgaggaggag 3960

gtcaaggcta aaaatgcact ggcccacgga gttcagtctg cccgccatga ctgtgacctc 4020

ctgagggagc agtttgagga ggagcaggag gccaaggcag agctgcaacg cggcatgtcc 4080

aaggccaata gtgaggtggc tcagtggagg actaagtatg aaactgatgc catccagcgc 4140

acagaggagc tggaggaggc caagaagaag ctggcccagc gtctgcagga tgccgaggag 4200

accattgagg cgaccaactc caagtgcgcc tccctggaga agaccaagca gagactacag 4260

ggagaggtgg aggacctcat gattgatgtt gagagagcca acgcattggc cgccaacctc 4320

gacaagaagc agaggaactt tgacaaggtt ctggcagagt ggaagcagaa gtatgaggag 4380

ggtcaggctg agctggaagg agctcagaag gaggctcgct ctatgagcac tgagctcttc 4440

aagatgaaga actcctacga ggaggctctg gatcatctgg agactctgaa gagagagaac 4500

aagaacctgc aacaggagat ctctgacctt actgagcaga ttggagagac tggcaagagc 4560

atccatgagc tggagaaggc caagaagacc gtggagacag agaagtctga gatccagacc 4620

gctctggagg aggctgaggg cacactggag cacgaggaat ccaagattct gcgtgtgcag 4680

ctggagctga accagatcaa gggtgaggtg gacaggaaga tcgctgagaa ggacgaggag 4740

atggagcaga tcaagaggaa cagccagagg atggttgact ccatgcagag caccctggac 4800

tctgaggtca ggagcaggaa tgatgccctg agggtgaaga agaagatgga gggagacctg 4860

aacgagatgg agatccagct gagccactcc aacaggcagg ccgctgaggc ccagaaacag 4920

ctgaggaatg tccagggaca gctcaaggat gcccaattgc accttgatga tgccgtccgt 4980

gtcgcagagg acatgaagga gcaggcagcc atggtggagc gcagaaacgg tctgatggtg 5040

gctgagatcg aggagctgag agttgctctg gagcagacag agagaggccg caaagtggct 5100

gagactgagc tggtagacgc cagcgagcgt gttggactgc tgcactccca gaacaccagc 5160

cttctgaaca ccaagaagaa gctggagact gacctggtgc aggtgcaggg agaggtggat 5220

gacatcgtcc aggaggccag gaatgcagaa gagaaggcca agaaggcaat cactgatgcg 5280

gcaatgatgg ctgaggagct gaagaaggag caggacacca gctctcacct ggagagaatg 5340

aagaagaacc tggagatcac agtcaaggac ctgcagcacc gcctggatga ggctgagaat 5400

ctggccatga agggaggcaa gaaacaactc cagaaactgg aatccagggt gcgtgagctt 5460

gagactgagg tggaggctga gcagagaaga ggtgtagacg cggtaaaggg agtccgcaag 5520

tatgagcgca gagtcaagga gctcacttac cagactgagg aggataagaa gaatgttaac 5580

agacttcagg acctggtaga taagctgcag atgaaagtga aggcctacaa gaggcacgct 5640

gaggaagcgg aggaagcagc aaaccagcac atgtctaagt tcaggaaggt tcagcatgag 5700

ctggaggagg ctgaggagcg tgctgacatc gctgagactc aggtcaacaa gctcagagcc 5760

aagacccgtg actctggaaa gggaaaagaa gttgctgaa 5799

<210> 70

<211> 1933

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like

<400> 70

Met Ser Thr Asp Ala Glu Met Gln Val Tyr Gly Lys Ala Ala Ile Tyr

1 5 10 15

Leu Arg Lys Ser Glu Lys Glu Arg Met Glu Ala Gln Ala Met Pro Phe

20 25 30

Asp Ser Lys Asn Ala Cys Tyr Val Thr Asp Lys Val Glu Leu Tyr Leu

35 40 45

Lys Gly Leu Val Thr Ala Arg Ala Asp Gly Lys Cys Thr Val Thr Ala

50 55 60

Leu Asp Phe Arg Glu Gly Lys Glu Phe Lys Asp Ala Asp Ile Tyr Glu

65 70 75 80

Met Asn Pro Pro Lys Tyr Asp Lys Ile Glu Asp Met Ala Met Met Thr

85 90 95

Tyr Leu Asn Glu Ala Ser Val Leu Tyr Asn Leu Lys Glu Arg Tyr Ala

100 105 110

Ala Trp Met Ile Tyr Thr Tyr Ser Gly Leu Phe Cys Ala Thr Val Asn

115 120 125

Pro Tyr Lys Trp Leu Pro Val Tyr Asp Glu Glu Val Val Asn Ala Tyr

130 135 140

Arg Gly Lys Lys Arg Val Glu Ala Pro Pro His Ile Phe Ser Val Ser

145 150 155 160

Asp Asn Ala Phe Gln Phe Met Met Ile Asp Lys Glu Asn Gln Ser Val

165 170 175

Leu Ile Thr Gly Glu Ser Gly Ala Gly Lys Thr Val Asn Thr Lys Arg
180 185 190
Val Ile Gln Tyr Phe Ala Thr Ile Ala Val Ser Gly Gly Lys Lys Glu

195 200 205
Ala Asp Pro Asn Lys Met Gln Gly Ser Leu Glu Asp Gln Ile Ile Ala
210 215 220
Ala Asn Pro Leu Leu Glu Ser Tyr Gly Asn Ala Lys Thr Val Arg Asn
225 230 235 240
Asp Asn Ser Ser Arg Phe Gly Lys Phe Ile Arg Ile His Phe Gln Ala
245 250 255
Gly Lys Leu Ala Lys Ala Asp Ile Glu Thr Tyr Leu Leu Glu Lys Ser

260 265 270
Arg Val Ser Phe Gln Leu Pro Asp Glu Arg Gly Tyr His Ile Phe Phe
275 280 285
Gln Met Met Thr Gly His Lys Pro Glu Leu Val Glu Leu Ala Leu Leu
290 295 300
Thr Thr Asn Pro Tyr Asp Phe Pro Met Cys Ser Gln Gly Gln Ile Ala
305 310 315 320
Val Ala Ser Ile Asn Asp Asn Glu Glu Leu Asp Ala Thr Asp Glu Ala

325 330 335
Ile Thr Ile Leu Gly Phe Thr Asn Glu Glu Lys Leu Gly Ile Tyr Lys
340 345 350
Leu Thr Gly Ala Val Val His His Gly Asn Leu Lys Phe Lys Gln Lys
355 360 365
Gln Arg Glu Glu Gln Ala Glu Pro Asp Gly Thr Glu Val Ala Asp Lys
370 375 380
Ile Ala Tyr Leu Leu Gly Leu Asn Ser Ala Glu Met Leu Lys Ala Leu

385 390 395 400
Cys Tyr Pro Arg Val Lys Val Gly Asn Glu Tyr Val Thr Lys Gly Gln
405 410 415
Thr Val Ala Gln Val Asn Asn Ser Val Ser Ala Leu Ala Lys Ser Ile

420 425 430

Tyr Glu Arg Met Phe Leu Trp Met Val Ile Arg Ile Asn Glu Met Leu

435 440 445

Asp Thr Lys Asn Pro Arg Gln Phe Tyr Ile Gly Val Leu Asp Ile Ala

450 455 460

Gly Phe Glu Ile Phe Asp Tyr Asn Ser Met Glu Gln Leu Cys Ile Asn

465 470 475 480

Phe Thr Asn Glu Lys Leu Gln Gln Phe Phe Asn His Thr Met Phe Val

485 490 495

Leu Glu Gln Glu Glu Tyr Lys Lys Glu Gly Ile Val Trp Ala Phe Ile

500 505 510

Asp Phe Gly Met Asp Leu Ala Ala Cys Ile Glu Leu Ile Glu Lys Pro

515 520 525

Leu Gly Ile Phe Ser Ile Leu Glu Glu Glu Cys Met Phe Pro Lys Ser

530 535 540

Ser Asp Thr Thr Phe Lys Asp Lys Leu Tyr Ala Gln His Leu Gly Lys

545 550 555 560

Thr Lys Ala Phe Glu Lys Pro Lys Pro Ala Lys Gly Lys Ala Glu Ala

565 570 575

His Phe Ser Leu Val His Tyr Ala Gly Thr Val Asp Tyr Asn Ile Thr

580 585 590

Gly Trp Leu Glu Lys Asn Lys Asp Pro Leu Asn Asp Ser Val Cys Gln

595 600 605

Leu Tyr Gly Lys Ser Gly Val Lys Ile Leu Ala Ala Leu Tyr Pro Pro

610 615 620

Pro Pro Pro Glu Asp Lys Ala Lys Lys Gly Gly Lys Lys Lys Gly Gly

625 630 635 640

Ser Met Gln Thr Val Ser Ser Gln Phe Arg Glu Asn Leu His Lys Leu

645 650 655

Met Thr Asn Leu Arg Ser Thr His Pro His Phe Val Arg Cys Leu Ile

660 665 670

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

705 710 715 720
Lys Val Leu Asn Ala Ser Val Ile Pro Glu Gly Gln Phe Met Asp Asn
725 730 735
Lys Lys Ala Ser Glu Lys Leu Leu Gly Ser Ile Asp Val Asn His Glu
740 745 750
Asp Tyr Lys Phe Gly His Thr Lys Val Phe Phe Lys Ala Gly Leu Leu
755 760 765
Gly Val Leu Glu Glu Met Arg Asp Glu Lys Leu Ala Ser Leu Val Gly

770 775 780
Met Leu Gln Ala Leu Ser Arg Gly Phe Leu Met Arg Arg Glu Phe Thr
785 790 795 800
Lys Met Met Glu Arg Arg Glu Ser Ile Tyr Ser Ile Gln Tyr Asn Ile
805 810 815
Arg Ser Phe Met Asn Val Lys Thr Trp Pro Trp Met Lys Leu Tyr Phe
820 825 830
Lys Ile Lys Pro Leu Leu Gln Ser Ala Glu Thr Glu Lys Glu Leu Ala

835 840 845
Asn Met Lys Glu Asn Tyr Glu Lys Met Lys Thr Asp Leu Ala Lys Ala
850 855 860
Leu Ser Thr Lys Lys Gln Met Glu Glu Lys Leu Val Ser Leu Thr Gln
865 870 875 880
Glu Lys Asn Asp Leu Ala Leu Gln Val Ala Ser Glu Gly Glu Ser Leu
885 890 895
Asn Asp Ala Glu Glu Arg Cys Glu Gly Leu Ile Lys Ser Lys Ile Gln

900 905 910
Gln Glu Ala Lys Leu Lys Glu Thr Thr Glu Arg Leu Glu Asp Glu Glu

915 920 925

Glu Ile Asn Ala Glu Leu Thr Ala Lys Lys Arg Lys Leu Glu Asp Glu

930 935 940

Cys Ser Glu Leu Lys Lys Asp Ile Asp Asp Leu Glu Leu Thr Leu Ala

945 950 955 960

Lys Val Glu Lys Glu Lys His Ala Thr Glu Asn Lys Val Lys Asn Leu

965 970 975

Thr Glu Glu Met Ala Ser Met Asp Glu Ser Val Ala Lys Leu Thr Lys

980 985 990

Glu Lys Lys Ala Leu Gln Glu Ala His Gln Gln Thr Leu Asp Asp Leu

995 1000 1005

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

1010 1015 1020

Lys Leu Glu Gln Gln Val Asp Asp Leu Glu Gly Ser Leu Glu Gln

1025 1030 1035

Glu Lys Lys Leu Arg Met Asp Leu Glu Arg Ser Lys Arg Lys Leu

1040 1045 1050

Glu Gly Asp Leu Lys Leu Ala Gln Glu Ser Ile Met Asp Leu Glu

1055 1060 1065

Asn Asp Lys Gln Gln Ala Asp Glu Lys Ile Lys Lys Lys Glu Phe

1070 1075 1080

Glu Thr Thr Gln Leu Leu Ser Lys Val Glu Asp Glu Gln Ser Leu

1085 1090 1095

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

1100 1105 1110

Glu Glu Leu Glu Glu Glu Ile Glu Ala Glu Arg Ala Ala Arg Ala

1115 1120 1125

Lys Val Glu Lys Gln Arg Ala Asp Leu Ser Arg Glu Leu Glu Glu

1130 1135 1140

Ile Ser Glu Arg Leu Glu Glu Ala Gly Gly Ala Thr Ala Ala Gln

1145 1150 1155

Ile Glu Met Asn Lys Lys Arg Glu Ala Glu Phe Gln Lys Leu Arg
1160 1165 1170
Arg Asp Leu Glu Glu Ser Thr Leu Gln His Glu Ala Thr Ala Ala
1175 1180 1185
Ala Leu Arg Lys Lys Gln Ala Asp Ser Val Ala Glu Leu Gly Glu
1190 1195 1200
Gln Ile Asp Asn Leu Gln Arg Val Lys Gln Lys Leu Glu Lys Glu

1205 1210 1215
Lys Ser Glu Tyr Lys Met Glu Ile Asp Asp Leu Ser Ser Asn Met
1220 1225 1230
Glu Ala Val Ala Lys Ala Lys Gly Asn Leu Glu Lys Met Cys Arg
1235 1240 1245
Thr Leu Glu Asp Gln Leu Ser Glu Leu Lys Thr Lys Asn Asp Glu
1250 1255 1260
Asn Val Arg Gln Val Asn Asp Ile Ser Gly Gln Arg Ala Arg Leu

1265 1270 1275
Leu Thr Glu Asn Gly Glu Phe Gly Arg Gln Leu Glu Glu Lys Glu
1280 1285 1290
Ala Leu Val Ser Gln Leu Thr Arg Gly Lys Gln Ala Phe Thr Gln
1295 1300 1305
Gln Val Glu Glu Leu Lys Arg Ala Ile Glu Glu Glu Val Lys Ala
1310 1315 1320
Lys Asn Ala Leu Ala His Gly Val Gln Ser Ala Arg His Asp Cys

1325 1330 1335
Asp Leu Leu Arg Glu Gln Phe Glu Glu Glu Gln Glu Ala Lys Ala
1340 1345 1350
Glu Leu Gln Arg Gly Met Ser Lys Ala Asn Ser Glu Val Ala Gln
1355 1360 1365
Trp Arg Thr Lys Tyr Glu Thr Asp Ala Ile Gln Arg Thr Glu Glu
1370 1375 1380
Leu Glu Glu Ala Lys Lys Lys Leu Ala Gln Arg Leu Gln Asp Ala

1385 1390 1395

Glu Glu Thr Ile Glu Ala Thr Asn Ser Lys Cys Ala Ser Leu Glu

1400 1405 1410

Lys Thr Lys Gln Arg Leu Gln Gly Glu Val Glu Asp Leu Met Ile

1415 1420 1425

Asp Val Glu Arg Ala Asn Ala Leu Ala Ala Asn Leu Asp Lys Lys

1430 1435 1440

Gln Arg Asn Phe Asp Lys Val Leu Ala Glu Trp Lys Gln Lys Tyr

1445 1450 1455

Glu Glu Gly Gln Ala Glu Leu Glu Gly Ala Gln Lys Glu Ala Arg

1460 1465 1470

Ser Met Ser Thr Glu Leu Phe Lys Met Lys Asn Ser Tyr Glu Glu

1475 1480 1485

Ala Leu Asp His Leu Glu Thr Leu Lys Arg Glu Asn Lys Asn Leu

1490 1495 1500

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

1505 1510 1515

Lys Ser Ile His Glu Leu Glu Lys Ala Lys Lys Thr Val Glu Thr

1520 1525 1530

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

1535 1540 1545

Leu Glu His Glu Glu Ser Lys Ile Leu Arg Val Gln Leu Glu Leu

1550 1555 1560

Asn Gln Ile Lys Gly Glu Val Asp Arg Lys Ile Ala Glu Lys Asp

1565 1570 1575

Glu Glu Met Glu Gln Ile Lys Arg Asn Ser Gln Arg Met Val Asp

1580 1585 1590

Ser Met Gln Ser Thr Leu Asp Ser Glu Val Arg Ser Arg Asn Asp

1595 1600 1605

Ala Leu Arg Val Lys Lys Lys Met Glu Gly Asp Leu Asn Glu Met

1610 1615 1620

Glu Ile Gln Leu Ser His Ser Asn Arg Gln Ala Ala Glu Ala Gln

1625 1630 1635

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

1640 1645 1650

His Leu Asp Asp Ala Val Arg Val Ala Glu Asp Met Lys Glu Gln

1655 1660 1665

Ala Ala Met Val Glu Arg Arg Asn Gly Leu Met Val Ala Glu Ile

1670 1675 1680

Glu Glu Leu Arg Val Ala Leu Glu Gln Thr Glu Arg Gly Arg Lys

1685 1690 1695

Val Ala Glu Thr Glu Leu Val Asp Ala Ser Glu Arg Val Gly Leu

1700 1705 1710

Leu His Ser Gln Asn Thr Ser Leu Leu Asn Thr Lys Lys Lys Leu

1715 1720 1725

Glu Thr Asp Leu Val Gln Val Gln Gly Glu Val Asp Asp Ile Val

1730 1735 1740

Gln Glu Ala Arg Asn Ala Glu Glu Lys Ala Lys Lys Ala Ile Thr

1745 1750 1755

Asp Ala Ala Met Met Ala Glu Glu Leu Lys Lys Glu Gln Asp Thr

1760 1765 1770

Ser Ser His Leu Glu Arg Met Lys Lys Asn Leu Glu Ile Thr Val

1775 1780 1785

Lys Asp Leu Gln His Arg Leu Asp Glu Ala Glu Asn Leu Ala Met

1790 1795 1800

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

1805 1810 1815

Glu Leu Glu Thr Glu Val Glu Ala Glu Gln Arg Arg Gly Val Asp

1820 1825 1830

Ala Val Lys Gly Val Arg Lys Tyr Glu Arg Arg Val Lys Glu Leu

1835 1840 1845

Thr Tyr Gln Thr Glu Glu Asp Lys Lys Asn Val Asn Arg Leu Gln

1850 1855 1860

Asp Leu Val Asp Lys Leu Gln Met Lys Val Lys Ala Tyr Lys Arg

1865 1870 1875

His Ala Glu Glu Ala Glu Glu Ala Ala Asn Gln His Met Ser Lys

1880 1885 1890

Phe Arg Lys Val Gln His Glu Leu Glu Glu Ala Glu Glu Arg Ala

1895 1900 1905

Asp Ile Ala Glu Thr Gln Val Asn Lys Leu Arg Ala Lys Thr Arg

1910 1915 1920

Asp Ser Gly Lys Gly Lys Glu Val Ala Glu

1925 1930

<210> 71

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 71

Ala Ala Ile Tyr Leu Arg Lys

1 5

<210> 72

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 72

Ala Asp Ile Glu Thr Tyr Leu Leu Glu Lys

1 5 10

<210> 73

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 73

Ala Leu Gln Glu Ala His Gln Gln Thr Leu Asp Asp Leu Gln Ala Glu

1 5 10 15

Glu Asp Lys

<210> 74

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 74

Asp Ile Asp Asp Leu Glu Leu Thr Leu Ala Lys

1 5 10

<210> 75

<211> 11

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 75

Glu Ala Leu Val Ser Gln Leu Thr Arg Gly Lys

1 5 10

<210> 76

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 76

Glu Phe Glu Thr Thr Gln Leu Leu Ser Lys

1 5 10

<210> 77

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 77

Glu Leu Thr Tyr Gln Thr Glu Glu Asp Lys

1 5 10

<210> 78

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 78

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

1 5 10 15

<210> 79

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 79

Glu Thr Thr Glu Arg Leu Glu Asp Glu Glu Glu Ile Asn Ala Glu Leu

1 5 10 15

Thr Ala Lys

<210> 80

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 80

Phe Ile Arg Ile His Phe Gln Ala Gly Lys

1 5 10

<210> 81

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 81

Gly Phe Pro Ser Arg Ile Ile Tyr Ala Asp Phe Lys

1 5 10

<210> 82

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 82

Gly Leu Val Thr Ala Arg Ala Asp Gly Lys

1 5 10

<210> 83

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 83

Gly Gln Thr Val Ala Gln Val Asn Asn Ser Val Ser Ala Leu Ala Lys

1 5 10 15

<210> 84

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 84

Ile Lys Pro Leu Leu Gln Ser Ala Glu Thr Glu Lys

1 5 10

<210> 85

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 85

Ile Leu Ala Ala Leu Tyr Pro Pro Pro Pro Pro Glu Asp Lys

1 5 10

<210> 86

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 86

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

1 5 10

<210> 87

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 87

Leu Ala Gln Arg Leu Gln Asp Ala Glu Glu Thr Ile Glu Ala Thr Asn

1 5 10 15

Ser Lys

<210> 88

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 88

Leu Glu Gln Gln Val Asp Asp Leu Glu Gly Ser Leu Glu Gln Glu Lys

1 5 10 15

<210> 89

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 89

Leu Glu Ser Arg Val Arg Glu Leu Glu Thr Glu Val Glu Ala Glu Gln
1 5 10 15
Arg Arg Gly Val Asp Ala Val Lys
20

<210> 90

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 90

Leu Leu Gly Ser Ile Asp Val Asn His Glu Asp Tyr Lys
1 5 10

<210> 91

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 91

Leu Arg Arg Asp Leu Glu Glu Ser Thr Leu Gln His Glu Ala Thr Ala
1 5 10 15
Ala Ala Leu Arg Lys
20

<210> 92

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 92

Leu Thr Gly Ala Val Val His His Gly Asn Leu Lys
1 5 10

<210> 93

<211> 32

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 93

Asn Asp Glu Asn Val Arg Gln Val Asn Asp Ile Ser Gly Gln Arg Ala
1 5 10 15

Arg Leu Leu Thr Glu Asn Gly Glu Phe Gly Arg Gln Leu Glu Glu Lys
20 25 30

<210> 94

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 94

Asn Leu Glu Ile Thr Val Lys
1 5

<210> 95

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 95

Asn Leu Gln Gln Glu Ile Ser Asp Leu Thr Glu Gln Ile Gly Glu Thr
1 5 10 15

Gly Lys

<210> 96

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400

> 96

Asn Ser Tyr Glu Glu Ala Leu Asp His Leu Glu Thr Leu Lys

1 5 10

<210> 97

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 97

Gln Ala Asp Ser Val Ala Glu Leu Gly Glu Gln Ile Asp Asn Leu Gln

1 5 10 15

Arg Val Lys

<210> 98

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 98

Gln Ala Phe Thr Gln Gln Val Glu Glu Leu Lys

1 5 10

<210> 99

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 99

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

1 5 10 15

<210> 100

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 100

Arg Ala Ile Glu Glu Glu Val Lys

1 5

<210> 101

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 101

Ser Glu Ile Gln Thr Ala Leu Glu Glu Ala Glu Gly Thr Leu Glu His

1 5 10 15

Glu Glu Ser Lys

20

<210> 102

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 102

Thr Val Arg Asn Asp Asn Ser Ser Arg Phe Gly Lys

1 5 10

<210> 103

<211> 27

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 103

Val Ala Glu Thr Glu Leu Val Asp Ala Ser Glu Arg Val Gly Leu Leu

1 5 10 15

His Ser Gln Asn Thr Ser Leu Leu Asn Thr Lys

20 25

<210> 104

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 104

Val Glu Asp Glu Gln Ser Leu Gly Ala Gln Leu Gln Lys

1 5 10

<210> 105

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 105

Val Gly Asn Glu Tyr Val Thr Lys

1 5

<210> 106

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 106

Val Gln His Glu Leu Glu Glu Ala Glu Glu Arg Ala Asp Ile Ala Glu

1 5 10 15

Thr Gln Val Asn Lys

20

<210> 107

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 107

Tyr Glu Glu Gly Gln Ala Glu Leu Glu Gly Ala Gln Lys

1 5 10

<210> 108

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin heavy chain, fast skeletal muscle-like fragment

<400> 108

Tyr Glu Thr Asp Ala Ile Gln Arg Thr Glu Glu Leu Glu Glu Ala Lys

1 5 10 15

<210> 109

<211> 2532

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like

<400> 109

atgtcaaaac cattgtcaga ccacgataaa aggaagcaga tctccgtgag aggtcttgct 60

ggtgtggaaa atgtcgcaga actgaaggtc gctttcaaca ggcatctcca ttttacactg 120

gtcaaggaca gaaatgtggc aaacaaacgg gattactact ttgctctcgc caacaccgtg 180

cgtgaccact tggtgggcag gtggatcaga acccagcagt actactatga gaaagatccc 240

aaacgtgtgt actacatctc cctggagttt tatatgggtc gcaccctgca gaacactatg 300

gtgaacctgg ccctggagaa cgcttgtgat gaggccatat accagctggg tctggacatg 360

gaggagctgg aggacatgga agaggatgct ggcctgggaa acggtggtct tggccgtctt 420

gccgcatgct tcctggactc aatggcttct ctaggccttg ctgcctatgg ctatggtatc 480

cgctatgagt ttggcatctt caatcagaag atcgtcaatg gctggcaggt tgaggaggcc 540

gatgattggt tgcgttacgg caacccctgg gagaaggccc gccctgagta catgcgcccc 600

gtcaagttct atggcaggac cgagcacacc ccagatggtg tgaaatgggt tgacactcag 660

gtagtgttgg ctctgccata tgacacccct attcccggct acagaaacaa cattgtcaac 720

accatgagac tgtggtctgc taaggcccca tgcgacttca acctgaaaga cttcaacgtt 780

ggtggctaca ttcaggctgt gttggacaga aacttgtgtg agaacatttc ccgcgtgctg 840

taccccaatg ataatttctt tgagggcaag gagctgcgtc tgaagcagga gtactttgtg 900

gtggccgcca ctctgcagga cgtcgtccgt cgtttcaagg cctctaagtt tggctccaga 960

gagattgtcc gcacagactt cgccgagcta ccaaacaaag ttgccatcca gctgaatgac 1020

actcaccctg ccatggctat tcctgagctg atgagggtcc tggttgatga ggagaagctg 1080

ggttgggaca aggcctggga cgtgtgtgtc cgtacctgtg cctacacaaa ccacaccgtg 1140

ctgcctgagg ccctggagcg ctggcccatt gacctgttcc atcacctgct gccacgtcac 1200

ctggagatca tctacgagat caaccgtcgc ttcatggagt atgttgcctc gaagttccct 1260

ggagacaacg accgtctgcg tcgcatgtcc ctgattgagg agggaggatg caagaaagtc 1320

aacatggctc atctgtgtat cgttggttcc catgctgtca acggcgtggc ccgcatccac 1380

tctgagatcc tcatcgccac tctgttcaag gacttctatg agttggaccc acacaagttt 1440

cagaacaaga ccaatgggat caccccccgt cgctggctgg ttatgtgcaa ccccggcttg 1500

gcggaggtca tcgcagagaa aattggagag gagtttatcc gtgaccttga ccagcttaag 1560

cgactgttga agttcgttaa tgatgatgct ttcatccgtg acatcgccaa agtcaagcag 1620

gagaacaagc tgaagttcgc tgtgcacctg gaagagcact acaaggtcaa gatcaacccc 1680

cagtccatgt ttgacttcca agtcaaaaga atccacgagt acaaaagaca gctgctcaac 1740

tgtctgcaca tgatcaccta ctacaaccgt atcaagaagg agcccaacaa gcactggacc 1800

ccaagaacca tcatggtcgg aggaaaggct gcaccaggct accacacagc caagatgatc 1860

atccgtctca tcacagctat cggtgaggtt gtcaaccacg accccgttgt cggcgaccgc 1920

ctcaaagtta tcttcctgga gaactacaga gtcaccctgg ctgagaaagc catcccctct 1980

gccgacctgt ctgagcagat ctctacagct ggcaccgagg cctctggcac tggtaacatg 2040

aagttcatgc tgaacggtgc tcttaccatt ggcaccatgg atggagccaa tgtggagatg 2100

gccgaggagg ccggagagga aaacttcttc atcttcggta tgagagtgga ggatgtggac 2160

gcaatggacg ccggcaaagg ataccacgcc tctgagtact acaaccgtat tcccgagctg 2220

aagcaggcca tggaccagat tgctggcggc ttcttcagtc ccaagcagcc tgacctcttc 2280

aaggaacttg tggacctgct gatgcaccat gacaggttca aggtgtttgc tgactacgaa 2340

gcctacatca aatgccagga caaggtcaac caactgtaca agaatcccaa ggaatggacc 2400

aagatggtga tccataacat tgcgggctgt ggtaaattct ccagcgaccg caccattgcc 2460

cagtacgccc gagagatctg gggcatggag cccagcctgg agaagatccc tgcccccgat 2520

gagaaactca aa 2532

<210> 110

<211> 844

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like

<400> 110

Met Ser Lys Pro Leu Ser Asp His Asp Lys Arg Lys Gln Ile Ser Val
1 5 10 15
Arg Gly Leu Ala Gly Val Glu Asn Val Ala Glu Leu Lys Val Ala Phe
20 25 30
Asn Arg His Leu His Phe Thr Leu Val Lys Asp Arg Asn Val Ala Asn
35 40 45
Lys Arg Asp Tyr Tyr Phe Ala Leu Ala Asn Thr Val Arg Asp His Leu
50 55 60
Val Gly Arg Trp Ile Arg Thr Gln Gln Tyr Tyr Tyr Glu Lys Asp Pro
65 70 75 80
Lys Arg Val Tyr Tyr Ile Ser Leu Glu Phe Tyr Met Gly Arg Thr Leu
85 90 95
Gln Asn Thr Met Val Asn Leu Ala Leu Glu Asn Ala Cys Asp Glu Ala
100 105 110
Ile Tyr Gln Leu Gly Leu Asp Met Glu Glu Leu Glu Asp Met Glu Glu
115 120 125
Asp Ala Gly Leu Gly Asn Gly Gly Leu Gly Arg Leu Ala Ala Cys Phe
130 135 140
Leu Asp Ser Met Ala Ser Leu Gly Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ile
145 150 155 160
Arg Tyr Glu Phe Gly Ile Phe Asn Gln Lys Ile Val Asn Gly Trp Gln
165 170 175
Val Glu Glu Ala Asp Asp Trp Leu Arg Tyr Gly Asn Pro Trp Glu Lys
180 185 190
Ala Arg Pro Glu Tyr Met Arg Pro Val Lys Phe Tyr Gly Arg Thr Glu
195 200 205
His Thr Pro Asp Gly Val Lys Trp Val Asp Thr Gln Val Val Leu Ala
210 215 220
Leu Pro Tyr Asp Thr Pro Ile Pro Gly Tyr Arg Asn Asn Ile Val Asn
225 230 235 240

Thr Met Arg Leu Trp Ser Ala Lys Ala Pro Cys Asp Phe Asn Leu Lys

245 250 255

Asp Phe Asn Val Gly Gly Tyr Ile Gln Ala Val Leu Asp Arg Asn Leu

260 265 270

Cys Glu Asn Ile Ser Arg Val Leu Tyr Pro Asn Asp Asn Phe Phe Glu

275 280 285

Gly Lys Glu Leu Arg Leu Lys Gln Glu Tyr Phe Val Val Ala Ala Thr

290 295 300

Leu Gln Asp Val Val Arg Arg Phe Lys Ala Ser Lys Phe Gly Ser Arg

305 310 315 320

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

325 330 335

Gln Leu Asn Asp Thr His Pro Ala Met Ala Ile Pro Glu Leu Met Arg

340 345 350

Val Leu Val Asp Glu Glu Lys Leu Gly Trp Asp Lys Ala Trp Asp Val

355 360 365

Cys Val Arg Thr Cys Ala Tyr Thr Asn His Thr Val Leu Pro Glu Ala

370 375 380

Leu Glu Arg Trp Pro Ile Asp Leu Phe His His Leu Leu Pro Arg His

385 390 395 400

Leu Glu Ile Ile Tyr Glu Ile Asn Arg Arg Phe Met Glu Tyr Val Ala

405 410 415

Ser Lys Phe Pro Gly Asp Asn Asp Arg Leu Arg Arg Met Ser Leu Ile

420 425 430

Glu Glu Gly Gly Cys Lys Lys Val Asn Met Ala His Leu Cys Ile Val

435 440 445

Gly Ser His Ala Val Asn Gly Val Ala Arg Ile His Ser Glu Ile Leu

450 455 460

Ile Ala Thr Leu Phe Lys Asp Phe Tyr Glu Leu Asp Pro His Lys Phe

465 470 475 480

Gln Asn Lys Thr Asn Gly Ile Thr Pro Arg Arg Trp Leu Val Met Cys

485 490 495

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

500 505 510

Ile Arg Asp Leu Asp Gln Leu Lys Arg Leu Leu Lys Phe Val Asn Asp

515 520 525

Asp Ala Phe Ile Arg Asp Ile Ala Lys Val Lys Gln Glu Asn Lys Leu

530 535 540

Lys Phe Ala Val His Leu Glu Glu His Tyr Lys Val Lys Ile Asn Pro

545 550 555 560

Gln Ser Met Phe Asp Phe Gln Val Lys Arg Ile His Glu Tyr Lys Arg

565 570 575

Gln Leu Leu Asn Cys Leu His Met Ile Thr Tyr Tyr Asn Arg Ile Lys

580 585 590

Lys Glu Pro Asn Lys His Trp Thr Pro Arg Thr Ile Met Val Gly Gly

595 600 605

Lys Ala Ala Pro Gly Tyr His Thr Ala Lys Met Ile Ile Arg Leu Ile

610 615 620

Thr Ala Ile Gly Glu Val Val Asn His Asp Pro Val Val Gly Asp Arg

625 630 635 640

Leu Lys Val Ile Phe Leu Glu Asn Tyr Arg Val Thr Leu Ala Glu Lys

645 650 655

Ala Ile Pro Ser Ala Asp Leu Ser Glu Gln Ile Ser Thr Ala Gly Thr

660 665 670

Glu Ala Ser Gly Thr Gly Asn Met Lys Phe Met Leu Asn Gly Ala Leu

675 680 685

Thr Ile Gly Thr Met Asp Gly Ala Asn Val Glu Met Ala Glu Glu Ala

690 695 700

Gly Glu Glu Asn Phe Phe Ile Phe Gly Met Arg Val Glu Asp Val Asp

705 710 715 720

Ala Met Asp Ala Gly Lys Gly Tyr His Ala Ser Glu Tyr Tyr Asn Arg

725 730 735

Ile Pro Glu Leu Lys Gln Ala Met Asp Gln Ile Ala Gly Gly Phe Phe

740 745 750

Ser Pro Lys Gln Pro Asp Leu Phe Lys Glu Leu Val Asp Leu Leu Met

755 760 765

His His Asp Arg Phe Lys Val Phe Ala Asp Tyr Glu Ala Tyr Ile Lys

770 775 780

Cys Gln Asp Lys Val Asn Gln Leu Tyr Lys Asn Pro Lys Glu Trp Thr

785 790 795 800

Lys Met Val Ile His Asn Ile Ala Gly Cys Gly Lys Phe Ser Ser Asp

805 810 815

Arg Thr Ile Ala Gln Tyr Ala Arg Glu Ile Trp Gly Met Glu Pro Ser

820 825 830

Leu Glu Lys Ile Pro Ala Pro Asp Glu Lys Leu Lys

835 840

<210> 111

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like fragment

<400> 111

Asp Phe Tyr Glu Leu Asp Pro His Lys

1 5

<210> 112

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like fragment

<400> 112

Phe Ala Val His Leu Glu Glu His Tyr Lys

1 5 10

<210> 113

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like fragment

<400> 113

Phe Tyr Gly Arg Thr Glu His Thr Pro Asp Gly Val Lys

1 5 10

<210> 114

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like fragment

<400> 114

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

1 5 10 15

<210> 115

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like fragment

<400> 115

Ile Gly Glu Glu Phe Ile Arg Asp Leu Asp Gln Leu Lys

1 5 10

<210> 116

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like fragment

<400> 116

Gln Ala Met Asp Gln Ile Ala Gly Gly Phe Phe Ser Pro Lys

1 5 10

<210> 117

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like fragment

<400> 117

Gln Ile Ser Val Arg Gly Leu Ala Gly Val Glu Asn Val Ala Glu Leu

1 5 10 15

Lys

<210> 118

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like fragment

<400> 118

Val Phe Ala Asp Tyr Glu Ala Tyr Ile Lys

1 5 10

<210> 119

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> glycogen phosphorylase, muscle form-like fragment

<400> 119

Val Ile Phe Leu Glu Asn Tyr Arg Val Thr Leu Ala Glu Lys

1 5 10

<210> 120

<211> 3399

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like

<400> 120

atgcctgaag ccgctgatgc agtgaagccg gagggcgagg agggagaagc accagcagaa 60

gccgaagaaa atactgcaga agatgatgag ccactgcctg aaggagagga gggtgcccat 120

cagtcacagg agattacagg actgtttctt cagcaccctg agactacggt tgccataaca 180

ggtacggaca ttgtgtttac tgccaaagtg gactctacta cactatcaag gaaacccacc 240

attaaatggc tgaaggggaa gtggctggac ctgggcagca aagcaggaaa acacatgcag 300

ttcaaagaga cttttgacag agccacaaag atctacacct gggacatgaa gataatcaag 360

gtggtccctg gtgacgctgg ggcctacagg tgtgaggtca cctccaaaga caagtgtgac 420

agcagcgctt tcgacatctc cgtggaggct gtgcaaattg aggaggaaca tgattctttg 480

gccgcattca aaagaacgga tgctggagag gatgaaggca gtttggattt cagtgctttg 540

ctgaaagcta ccaagaagaa gaagaagcca gtcgtagatg aggagaaggc agacgtgtgg 600

gaaatcctga agaacgctca acccagcgag tatgagaaga ttgcttttga gtacggcatt 660

acagacctga ggggtctgct caagcgactg aagaagatga agactgttga gcccaagcac 720

agcgacgctt tcctaaagag aatggagtct gcctactctg tggataaggg caagaaaatc 780

gtactgcagg tggaagtggt tgacccaaat gcccaggtca aatggttgaa gaacggtcag 840

gagataaaat catcagccaa gtacatcata gaatcagttg gcaacatcag gacgctcacc 900

atcaacaagt gtagcctggc tgacgacgct gcgtacgagt gtgtgattgg ggaagagaag 960

tccttcacag aggtgtttgt caaagagccc ccggtcacca tcaccaagct gctggatgat 1020

taccacgtgg tggtgggaga gagagtggag tttgaggtgg aggtgtctgt ggagggagca 1080

cacgttaact ggatgtttga ggaccaagaa ctctccaggg acacccataa gtaccgcttt 1140

aagaaggacg ggttgaagca catgctcatc atccaagagg ctacgctgga tgacattgga 1200

atgtactggt gcttcaccaa cggcgggcga accaaaggag agctagaagt tgaagagaaa 1260

gaactggagg tgttgcagaa catcgctgac ctgacggtga aggccgagga ccaggccatg 1320

ttcaagtgtg aggtgtctga tgagaaggta acagggaaat ggctcaaaga tggcgtggag 1380

gtgctgccca gcagtcgcat caagctgacc cacatcggaa gaatccatcg gcttaccata 1440

gacgacgtca agcccgagga cgctggagac tataccttta tcccagacgg atatgccctc 1500

tcactgtccg ccaaactcaa cttcctggaa attaagatcg actatgtccc ccgccaagag 1560

ccacccaaga tccatctaga caccaccggc aacatggttt cccagaacac catcattgtg 1620

gtggctggca acaagctgcg cctggacgtg gagatctctg gagagcctcc tcccactgtc 1680

gtctgggcaa agggagacac ggcaatcaca gctgtggagg ggcgtgtgag gactgagagc 1740

cggaaggacc tgagctgctt cgtcatagag ggggcagaga gagaggatga gggcaactac 1800

accatcattg tcaccaaccc tgccggagag gacaaggctc atctgtttgt caagattgtt 1860

gatgtgcctg actgccctga gaatgtaaag tgtacctcgg tgggagaaga ctgtgccacc 1920

atggtctggg acccacccaa gttcgacgga ggcgcaccag tcacaggcta tctcatggag 1980

aggaagaaga agggctccac caggtggacg aagctcaact ttgacgtgta cgagggggtg 2040

acgtacgaag ccaagaggat gattgagggc gtgctctacg agatgagagt gtacgccgtc 2100

aatggcattg gcatgtccca gcccagcctc aattccaaac ccttcatgcc catcgctgca 2160

accagtgagc ctctgggcct caaggtgcat gatgtcacag acaccacatg taccctgaag 2220
tggctggccc ctgagaagat cggtgccgga ggcctggacg gatacgttat tgagtactgc 2280
aaggagggag acacggagtg ggtggtggcg aacactgagc tggtggagag acagaattac 2340
acagtccgca acctccccac cgcggagaag atcaacttca gagtggtggc cgtgaacatt 2400
gctggacgca gccccctac cggcctgagc cagcccgtca ctatccgcga gatcgtggaa 2460
ctgcccaaga tccgcctccc tcgctacttg agacagaagt acattagaag agtgggcgac 2520
aaaatcaacc tgaccatccc cttccagggt aagccacgtc ccaaagtgca atggtacaag 2580

gatggggaag agcttgacac tcgagttgcc agcatacgca attccgaagt ggactctatc 2640
ctgttcatcc gctcggctga gagatcccac tctgggaagt acgagttggt cctgcagatt 2700
gagaacatgg aggccagggc tattctggaa atcaggatcg tagaggcacc tgggcctccc 2760
gaggtagtga aggtcacaga cgtttggggc ttcaacgctg cgctggagtg gaagccaccg 2820
aaggacgacg gcaactgcga gatcaccggt tacacaatac agaaggcgga caagaagaca 2880
aatgaatggt tcactatcta cgagcacaac aggaggacaa actgcacagc ctcagacctg 2940
atcatgggaa atgagtacat gttccgtgtc ttcagcgaga acctcgttgg aaagagtgag 3000

gatttctgcc tcagcaagga cacagccatc atacctaaga taggattgga gtacaaccca 3060
cctccattca aggagaagga tatgcaaagc gcccccaagt tcatacagcc cctgcttgac 3120
aggtctgtgg tggcaggcta cagtaccacc atcagctctg ctgtcaagac ttgtcctaaa 3180
cctaagatca ggtggttgag gaataagatt cccctggacg agaaccctag gttcctgatg 3240
cagaacaacc agggggtttt gaccctgaac atccgcaagc ccagtcagta tgacgggggc 3300
aagttcacct gcaaggctat caactctttg ggggaggacg tcgtggagtg caccctactc 3360
gtacgagctc tcaaggacaa ggaagatgga gacgagaaa 3399

<210> 121
<211> 1133
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like
<400> 121
Met Pro Glu Ala Ala Asp Ala Val Lys Pro Glu Gly Glu Glu Gly Glu
1 5 10 15
Ala Pro Ala Glu Ala Glu Glu Asn Thr Ala Glu Asp Asp Glu Pro Leu

20 25 30

Pro Glu Gly Glu Glu Gly Ala His Gln Ser Gln Glu Ile Thr Gly Leu

35 40 45

Phe Leu Gln His Pro Glu Thr Thr Val Ala Ile Thr Gly Thr Asp Ile

50 55 60

Val Phe Thr Ala Lys Val Asp Ser Thr Thr Leu Ser Arg Lys Pro Thr

65 70 75 80

Ile Lys Trp Leu Lys Gly Lys Trp Leu Asp Leu Gly Ser Lys Ala Gly

85 90 95

Lys His Met Gln Phe Lys Glu Thr Phe Asp Arg Ala Thr Lys Ile Tyr

100 105 110

Thr Trp Asp Met Lys Ile Ile Lys Val Val Pro Gly Asp Ala Gly Ala

115 120 125

Tyr Arg Cys Glu Val Thr Ser Lys Asp Lys Cys Asp Ser Ser Ala Phe

130 135 140

Asp Ile Ser Val Glu Ala Val Gln Ile Glu Glu Glu His Asp Ser Leu

145 150 155 160

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

165 170 175

Phe Ser Ala Leu Leu Lys Ala Thr Lys Lys Lys Lys Lys Pro Val Val

180 185 190

Asp Glu Glu Lys Ala Asp Val Trp Glu Ile Leu Lys Asn Ala Gln Pro

195 200 205

Ser Glu Tyr Glu Lys Ile Ala Phe Glu Tyr Gly Ile Thr Asp Leu Arg

210 215 220

Gly Leu Leu Lys Arg Leu Lys Lys Met Lys Thr Val Glu Pro Lys His

225 230 235 240

Ser Asp Ala Phe Leu Lys Arg Met Glu Ser Ala Tyr Ser Val Asp Lys

245 250 255

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

260 265 270

Val Lys Trp Leu Lys Asn Gly Gln Glu Ile Lys Ser Ser Ala Lys Tyr
275 280 285
Ile Ile Glu Ser Val Gly Asn Ile Arg Thr Leu Thr Ile Asn Lys Cys
290 295 300

Ser Leu Ala Asp Asp Ala Ala Tyr Glu Cys Val Ile Gly Glu Glu Lys
305 310 315 320
Ser Phe Thr Glu Val Phe Val Lys Glu Pro Pro Val Thr Ile Thr Lys
325 330 335
Leu Leu Asp Asp Tyr His Val Val Val Gly Glu Arg Val Glu Phe Glu
340 345 350
Val Glu Val Ser Val Glu Gly Ala His Val Asn Trp Met Phe Glu Asp
355 360 365

Gln Glu Leu Ser Arg Asp Thr His Lys Tyr Arg Phe Lys Lys Asp Gly
370 375 380
Leu Lys His Met Leu Ile Ile Gln Glu Ala Thr Leu Asp Asp Ile Gly
385 390 395 400
Met Tyr Trp Cys Phe Thr Asn Gly Gly Arg Thr Lys Gly Glu Leu Glu
405 410 415
Val Glu Glu Lys Glu Leu Glu Val Leu Gln Asn Ile Ala Asp Leu Thr
420 425 430

Val Lys Ala Glu Asp Gln Ala Met Phe Lys Cys Glu Val Ser Asp Glu
435 440 445
Lys Val Thr Gly Lys Trp Leu Lys Asp Gly Val Glu Val Leu Pro Ser
450 455 460
Ser Arg Ile Lys Leu Thr His Ile Gly Arg Ile His Arg Leu Thr Ile
465 470 475 480
Asp Asp Val Lys Pro Glu Asp Ala Gly Asp Tyr Thr Phe Ile Pro Asp
485 490 495

Gly Tyr Ala Leu Ser Leu Ser Ala Lys Leu Asn Phe Leu Glu Ile Lys
500 505 510
Ile Asp Tyr Val Pro Arg Gln Glu Pro Pro Lys Ile His Leu Asp Thr

515 520 525

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

530 535 540

Lys Leu Arg Leu Asp Val Glu Ile Ser Gly Glu Pro Pro Pro Thr Val

545 550 555 560

Val Trp Ala Lys Gly Asp Thr Ala Ile Thr Ala Val Glu Gly Arg Val

565 570 575

Arg Thr Glu Ser Arg Lys Asp Leu Ser Cys Phe Val Ile Glu Gly Ala

580 585 590

Glu Arg Glu Asp Glu Gly Asn Tyr Thr Ile Ile Val Thr Asn Pro Ala

595 600 605

Gly Glu Asp Lys Ala His Leu Phe Val Lys Ile Val Asp Val Pro Asp

610 615 620

Cys Pro Glu Asn Val Lys Cys Thr Ser Val Gly Glu Asp Cys Ala Thr

625 630 635 640

Met Val Trp Asp Pro Pro Lys Phe Asp Gly Gly Ala Pro Val Thr Gly

645 650 655

Tyr Leu Met Glu Arg Lys Lys Lys Gly Ser Thr Arg Trp Thr Lys Leu

660 665 670

Asn Phe Asp Val Tyr Glu Gly Val Thr Tyr Glu Ala Lys Arg Met Ile

675 680 685

Glu Gly Val Leu Tyr Glu Met Arg Val Tyr Ala Val Asn Gly Ile Gly

690 695 700

Met Ser Gln Pro Ser Leu Asn Ser Lys Pro Phe Met Pro Ile Ala Ala

705 710 715 720

Thr Ser Glu Pro Leu Gly Leu Lys Val His Asp Val Thr Asp Thr Thr

725 730 735

Cys Thr Leu Lys Trp Leu Ala Pro Glu Lys Ile Gly Ala Gly Gly Leu

740 745 750

Asp Gly Tyr Val Ile Glu Tyr Cys Lys Glu Gly Asp Thr Glu Trp Val

755 760 765

Val Ala Asn Thr Glu Leu Val Glu Arg Gln Asn Tyr Thr Val Arg Asn
770 775 780
Leu Pro Thr Ala Glu Lys Ile Asn Phe Arg Val Val Ala Val Asn Ile
785 790 795 800
Ala Gly Arg Ser Pro Pro Thr Gly Leu Ser Gln Pro Val Thr Ile Arg
805 810 815

Glu Ile Val Glu Leu Pro Lys Ile Arg Leu Pro Arg Tyr Leu Arg Gln
820 825 830
Lys Tyr Ile Arg Arg Val Gly Asp Lys Ile Asn Leu Thr Ile Pro Phe
835 840 845
Gln Gly Lys Pro Arg Pro Lys Val Gln Trp Tyr Lys Asp Gly Glu Glu
850 855 860
Leu Asp Thr Arg Val Ala Ser Ile Arg Asn Ser Glu Val Asp Ser Ile
865 870 875 880

Leu Phe Ile Arg Ser Ala Glu Arg Ser His Ser Gly Lys Tyr Glu Leu
885 890 895
Val Leu Gln Ile Glu Asn Met Glu Ala Arg Ala Ile Leu Glu Ile Arg
900 905 910
Ile Val Glu Ala Pro Gly Pro Pro Glu Val Val Lys Val Thr Asp Val
915 920 925
Trp Gly Phe Asn Ala Ala Leu Glu Trp Lys Pro Pro Lys Asp Asp Gly
930 935 940

Asn Cys Glu Ile Thr Gly Tyr Thr Ile Gln Lys Ala Asp Lys Lys Thr
945 950 955 960
Asn Glu Trp Phe Thr Ile Tyr Glu His Asn Arg Arg Thr Asn Cys Thr
965 970 975
Ala Ser Asp Leu Ile Met Gly Asn Glu Tyr Met Phe Arg Val Phe Ser
980 985 990
Glu Asn Leu Val Gly Lys Ser Glu Asp Phe Cys Leu Ser Lys Asp Thr
995 1000 1005

Ala Ile Ile Pro Lys Ile Gly Leu Glu Tyr Asn Pro Pro Pro Phe

1010 1015 1020

Lys Glu Lys Asp Met Gln Ser Ala Pro Lys Phe Ile Gln Pro Leu

1025 1030 1035

Leu Asp Arg Ser Val Val Ala Gly Tyr Ser Thr Thr Ile Ser Ser

1040 1045 1050

Ala Val Lys Thr Cys Pro Lys Pro Lys Ile Arg Trp Leu Arg Asn

1055 1060 1065

Lys Ile Pro Leu Asp Glu Asn Pro Arg Phe Leu Met Gln Asn Asn

1070 1075 1080

Gln Gly Val Leu Thr Leu Asn Ile Arg Lys Pro Ser Gln Tyr Asp

1085 1090 1095

Gly Gly Lys Phe Thr Cys Lys Ala Ile Asn Ser Leu Gly Glu Asp

1100 1105 1110

Val Val Glu Cys Thr Leu Leu Val Arg Ala Leu Lys Asp Lys Glu

1115 1120 1125

Asp Gly Asp Glu Lys

1130

<210> 122

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 122

Ala Asp Val Trp Glu Ile Leu Lys

1 5

<210> 123

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 123

Glu Leu Glu Val Leu Gln Asn Ile Ala Asp Leu Thr Val Lys

1 5 10

<210> 124

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 124

Glu Pro Pro Val Thr Ile Thr Lys

1 5

<210> 125

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 125

Gly Glu Leu Glu Val Glu Glu Lys

1 5

<210> 126

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 126

His Ser Asp Ala Phe Leu Lys

1 5

<210> 127

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 127

Ile Ala Phe Glu Tyr Gly Ile Thr Asp Leu Arg Gly Leu Leu Lys

1 5 10 15

<210> 128

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 128

Ile Gly Leu Glu Tyr Asn Pro Pro Pro Phe Lys

1 5 10

<210> 129

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 129

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

1 5 10

<210> 130

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 130

Ile Val Leu Gln Val Glu Val Val Asp Pro Asn Ala Gln Val Lys

1 5 10 15

<210> 131

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 131

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

1 5 10

<210> 132

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 132

Leu Asn Phe Leu Glu Ile Lys

1 5

<210> 133

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 133

Asn Ala Gln Pro Ser Glu Tyr Glu Lys

1 5

<210> 134

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 134

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

1 5 10 15

Leu Lys

<210> 135

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 135

Ser Phe Thr Glu Val Phe Val Lys

1 5

<210> 136

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> myosin-binding protein C, fast-type-like fragment

<400> 136

Val Asp Ser Thr Thr Leu Ser Arg Lys Pro Thr Ile Lys

1 5 10

<210> 137

<211> 1551

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ATP synthase subunit beta, mitochondrial

<400> 137

atgttaggag ctgtgggacg ctgctgcacc ggggctctcc aggcacttaa gcctggggtc 60

cagcccctga aggcccttgt aggatcgcca tctgtccttg gacgcagaga ctactctgca 120

cctgctgctg ctgccgcctt cgcccatggc aggatcgtag cggtcatcgg tgccgtcgtc 180

gacgtccagt tcgatgaggg cctcccaccc atcctcaatg ccctggaagt tgctgggcgt 240

gagtccaggc tagttctgga ggtggcacag catcttggtg agaacactgt gcgtaccatt 300

gccatggatg gtactgaagg tcttgtccgt ggacagaagg ttgtggacac tggcgatccc 360

atcagaatcc cagtgggtcc cgagacccta ggcagaatca tgaatgtcat tggagagccc 420

attgatgaga gggggccaat ctccaccaag cagactgccg ccatccacgc tgaggcccca 480

gagttcactg acatgagtgt ggagcaggag atcctggtaa ctggcatcaa ggtggtagat 540

ctgctggctc cctatgccaa gggaggcaaa atcggtctgt tcggtggtgc tggtgtgggc 600

aagactgtgt tgatcatgga gctgatcaac aatgtggcca aggcccatgg tggttactct 660

gtgtttgccg gagtgggaga gcgtacccgc gagggaaatg acttgtacca cgagatgatt 720

gagtcgggtg tcatcaacct gaaggatgac acctccaagg tggcgctggt gtacggacaa 780

atgaacgagc ccccaggcgc ccgtgcccgt gtggctctga ctggtctgac cgtggcagag 840

tatttccgtg accaggaggg tcaggatgtg ctgctcttca tcgataacat cttccgtttc 900

acccaggctg gctccgaggt gtctgccctg ctgggtcgta tcccctccgc tgtgggttac 960

cagcccaccc tggccactga catgggtacc atgcaggaga gaatcaccac caccaagaag 1020

ggttccatca cctctgtgca ggccatctat gtgccggctg acgatttgac tgatcccgcc 1080

cctgccacca ccttcgctca cttggacgcc accactgtgc tgtcccgtgc aatcgctgag 1140

ctgggtatct accctgctgt ggatcccctg gattccacct cccgtatcat ggaccccaac 1200

attgtcggcg ctgagcacta tgatgttgct cgtggcgtgc agaagatcct ccaggactac 1260

aagtccctgc aggatatcat tgccatcctg ggtatggatg agttgtctga ggaggacaag 1320

ctgattgtct ctcgcgcccg caagatccag cgtttcctgt cccagccctt ccaggtggcg 1380

gaggtattca ccggtcatgc tggcaagctg gtgccactca aggagaccat cagtggcttc 1440

cagagcattc taaatggtga gtacgatgcc ctgcccgagc aggctttcta catggttgga 1500

cccatcgagg aggtggttga gaaggctgca cagatggcca aggatctcgc a 1551

<210> 138

<211> 517

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ATP synthase subunit beta, mitochondrial

<400> 138

Met Leu Gly Ala Val Gly Arg Cys Cys Thr Gly Ala Leu Gln Ala Leu
1 5 10 15

Lys Pro Gly Val Gln Pro Leu Lys Ala Leu Val Gly Ser Pro Ser Val
20 25 30

Leu Gly Arg Arg Asp Tyr Ser Ala Pro Ala Ala Ala Ala Ala Phe Ala
35 40 45

His Gly Arg Ile Val Ala Val Ile Gly Ala Val Val Asp Val Gln Phe

50 55 60

Asp Glu Gly Leu Pro Pro Ile Leu Asn Ala Leu Glu Val Ala Gly Arg
65 70 75 80

Glu Ser Arg Leu Val Leu Glu Val Ala Gln His Leu Gly Glu Asn Thr
85 90 95

Val Arg Thr Ile Ala Met Asp Gly Thr Glu Gly Leu Val Arg Gly Gln
100 105 110

Lys Val Val Asp Thr Gly Asp Pro Ile Arg Ile Pro Val Gly Pro Glu

115 120 125

Thr Leu Gly Arg Ile Met Asn Val Ile Gly Glu Pro Ile Asp Glu Arg

130 135 140

Gly Pro Ile Ser Thr Lys Gln Thr Ala Ala Ile His Ala Glu Ala Pro

145 150 155 160

Glu Phe Thr Asp Met Ser Val Glu Gln Glu Ile Leu Val Thr Gly Ile

165 170 175

Lys Val Val Asp Leu Leu Ala Pro Tyr Ala Lys Gly Gly Lys Ile Gly

180 185 190

Leu Phe Gly Gly Ala Gly Val Gly Lys Thr Val Leu Ile Met Glu Leu

195 200 205

Ile Asn Asn Val Ala Lys Ala His Gly Gly Tyr Ser Val Phe Ala Gly

210 215 220

Val Gly Glu Arg Thr Arg Glu Gly Asn Asp Leu Tyr His Glu Met Ile

225 230 235 240

Glu Ser Gly Val Ile Asn Leu Lys Asp Asp Thr Ser Lys Val Ala Leu

245 250 255

Val Tyr Gly Gln Met Asn Glu Pro Pro Gly Ala Arg Ala Arg Val Ala

260 265 270

Leu Thr Gly Leu Thr Val Ala Glu Tyr Phe Arg Asp Gln Glu Gly Gln

275 280 285

Asp Val Leu Leu Phe Ile Asp Asn Ile Phe Arg Phe Thr Gln Ala Gly

290 295 300

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

305 310 315 320

Gln Pro Thr Leu Ala Thr Asp Met Gly Thr Met Gln Glu Arg Ile Thr

325 330 335

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

340 345 350

Ala Asp Asp Leu Thr Asp Pro Ala Pro Ala Thr Thr Phe Ala His Leu

355 360 365

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

370 375 380

Pro Ala Val Asp Pro Leu Asp Ser Thr Ser Arg Ile Met Asp Pro Asn
385 390 395 400
Ile Val Gly Ala Glu His Tyr Asp Val Ala Arg Gly Val Gln Lys Ile
405 410 415
Leu Gln Asp Tyr Lys Ser Leu Gln Asp Ile Ile Ala Ile Leu Gly Met
420 425 430
Asp Glu Leu Ser Glu Glu Asp Lys Leu Ile Val Ser Arg Ala Arg Lys

435 440 445
Ile Gln Arg Phe Leu Ser Gln Pro Phe Gln Val Ala Glu Val Phe Thr
450 455 460
Gly His Ala Gly Lys Leu Val Pro Leu Lys Glu Thr Ile Ser Gly Phe
465 470 475 480
Gln Ser Ile Leu Asn Gly Glu Tyr Asp Ala Leu Pro Glu Gln Ala Phe
485 490 495
Tyr Met Val Gly Pro Ile Glu Glu Val Val Glu Lys Ala Ala Gln Met

500 505 510
Ala Lys Asp Leu Ala
515

<210> 139
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ATP synthase subunit beta, mitochondrial fragment
<400> 139
Ile Gly Leu Phe Gly Gly Ala Gly Val Gly Lys
1 5 10

<210> 140
<211> 21
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ATP synthase subunit beta, mitochondrial fragment
<400> 140

Ile Gln Arg Phe Leu Ser Gln Pro Phe Gln Val Ala Glu Val Phe Thr

1 5 10 15

Gly His Ala Gly Lys

20

<210> 141

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ATP synthase subunit beta, mitochondrial fragment

<400> 141

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

1 5 10

<210> 142

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ATP synthase subunit beta, mitochondrial fragment

<400> 142

Val Val Asp Leu Leu Ala Pro Tyr Ala Lys

1 5 10

<210> 143

<211> 996

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> L-lactate dehydrogenase A chain-like

<400> 143

atgactacca aggagaagct gatcacccat gtgttggctg gtgagcctgt tggctcccgg 60

agcaaggtga cagttgttgg cgtcggcatg gttggcatgg cctccgcagt cagcgtcctg 120

ctcaaggacc tgtgcgatga gctgtgcctg attgacgtga tggaagataa actgaagggt 180

gaggtcatgg acctgcagca tggcagcctc ttctgcaaga ctcacaagat tgtgggcgac 240

aaggactaca gtacgactgc ccactccaag gtggtggtgg tcacagccgg tgctcgtcag 300

caagagggtg agagccgtct gaacctggtg cagcgtaacg tcaacatctt caaattcata 360

attccccaga tcgtcaagta cagccccaac gccatcctgc tggtcgtctc caatcctgtt 420

gacatcctaa cctacgtggc ttggaagctg agtggtttcc cccgtcaccg cgtcatcggt 480

tccggcacca acctggactc tggtcgtttc cgccacctga tgggcgagaa gctacacctt 540

cacccatcca gctgtcacgg ctggatcatt ggagaacacg gagactccag cgtgcccgta 600

tggagcggtg tgaatgttgc cggtgtttcc ctgaagggcc tgaacccaga catgggcaca 660

gacgcagaca aggaggactg gaagcacgtc cacaagatgg tggtcgacgg tgcctatgag 720

gtcatcaagc tgaagggtta cacctcctgg gctatcggca tgtccgtcgc tgacctggtt 780

gagagcatcc tgaagaacct ccacaaagtc caccctgtgt ccaccctggt caagggaatg 840

cacggtgtga aggaggaggt gtttctcagc gtgccctgcg tgctgggaaa cagcggtctg 900

accgacgtca tccacatgac tctgaagccc gaggaggaga agcagctgag caacagtgcc 960

gagaccctat ggggcgtaca gaaagagctc accttg 996

<210> 144

<211> 332

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> L-lactate dehydrogenase A chain-like

<400> 144

Met Thr Thr Lys Glu Lys Leu Ile Thr His Val Leu Ala Gly Glu Pro
1 5 10 15

Val Gly Ser Arg Ser Lys Val Thr Val Val Gly Val Gly Met Val Gly
20 25 30

Met Ala Ser Ala Val Ser Val Leu Leu Lys Asp Leu Cys Asp Glu Leu
35 40 45

Cys Leu Ile Asp Val Met Glu Asp Lys Leu Lys Gly Glu Val Met Asp
50 55 60

Leu Gln His Gly Ser Leu Phe Cys Lys Thr His Lys Ile Val Gly Asp
65 70 75 80

Lys Asp Tyr Ser Thr Thr Ala His Ser Lys Val Val Val Val Thr Ala
85 90 95

Gly Ala Arg Gln Gln Glu Gly Glu Ser Arg Leu Asn Leu Val Gln Arg
100 105 110

Asn Val Asn Ile Phe Lys Phe Ile Ile Pro Gln Ile Val Lys Tyr Ser

115 120 125

Pro Asn Ala Ile Leu Leu Val Val Ser Asn Pro Val Asp Ile Leu Thr
130 135 140
Tyr Val Ala Trp Lys Leu Ser Gly Phe Pro Arg His Arg Val Ile Gly
145 150 155 160
Ser Gly Thr Asn Leu Asp Ser Gly Arg Phe Arg His Leu Met Gly Glu
165 170 175
Lys Leu His Leu His Pro Ser Ser Cys His Gly Trp Ile Ile Gly Glu
180 185 190

His Gly Asp Ser Ser Val Pro Val Trp Ser Gly Val Asn Val Ala Gly
195 200 205
Val Ser Leu Lys Gly Leu Asn Pro Asp Met Gly Thr Asp Ala Asp Lys
210 215 220
Glu Asp Trp Lys His Val His Lys Met Val Val Asp Gly Ala Tyr Glu
225 230 235 240
Val Ile Lys Leu Lys Gly Tyr Thr Ser Trp Ala Ile Gly Met Ser Val
245 250 255

Ala Asp Leu Val Glu Ser Ile Leu Lys Asn Leu His Lys Val His Pro
260 265 270
Val Ser Thr Leu Val Lys Gly Met His Gly Val Lys Glu Glu Val Phe
275 280 285
Leu Ser Val Pro Cys Val Leu Gly Asn Ser Gly Leu Thr Asp Val Ile
290 295 300
His Met Thr Leu Lys Pro Glu Glu Glu Lys Gln Leu Ser Asn Ser Ala
305 310 315 320

Glu Thr Leu Trp Gly Val Gln Lys Glu Leu Thr Leu
325 330

<210> 145
<211> 8
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> L-lactate dehydrogenase A chain-like fragment

<400> 145

Phe Ile Ile Pro Gln Ile Val Lys

1 5

<210> 146

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> L-lactate dehydrogenase A chain-like fragment

<400> 146

Leu Ile Thr His Val Leu Ala Gly Glu Pro Val Gly Ser Arg Ser Lys

1 5 10 15

<210> 147

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> L-lactate dehydrogenase A chain-like fragment

<400> 147

Thr His Val Leu Ala Gly Glu Pro Val Gly Ser Arg Ser Lys

1 5 10

<210> 148

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> L-lactate dehydrogenase A chain-like fragment

<400> 148

Val His Pro Val Ser Thr Leu Val Lys

1 5

<210> 149

<211> 28

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> L-lactate dehydrogenase A chain-like fragment

<400> 149

Val Val Val Val Thr Ala Gly Ala Arg Gln Gln Glu Gly Glu Ser Arg
1 5 10 15

Leu Asn Leu Val Gln Arg Asn Val Asn Ile Phe Lys
20 25