(19)日本国特許庁(JP)

(12)特許公報(B2)

(11)特許番号
特許第7109784号
(P7109784)

(45)発行日　令和4年8月1日(2022.8.1)

(24)登録日　令和4年7月22日(2022.7.22)

(51)国際特許分類

Ｃ１２Ｎ　15/09　(2006.01)	Ｃ１２Ｎ	15/09	１１０
Ｃ１２Ｎ　9/16　(2006.01)	Ｃ１２Ｎ	9/16	Ｚ
Ｃ１２Ｎ　15/10　(2006.01)	Ｃ１２Ｎ	15/10	２００Ｚ
Ｃ１２Ｎ　15/55　(2006.01)	Ｃ１２Ｎ	15/55	
Ｃ１２Ｎ　15/31　(2006.01)	Ｃ１２Ｎ	15/31	

FＩ

請求項の数　29　（全447頁）　最終頁に続く

(21)出願番号　特願2018-521045(P2018-521045)
(86)(22)出願日　平成28年10月22日(2016.10.22)
(65)公表番号　特表2018-537963(P2018-537963A)
(43)公表日　平成30年12月27日(2018.12.27)
(86)国際出願番号　PCT/US2016/058345
(87)国際公開番号　WO2017/070633
(87)国際公開日　平成29年4月27日(2017.4.27)
審査請求日　令和1年10月23日(2019.10.23)
(31)優先権主張番号　62/279,346
(32)優先日　平成28年1月15日(2016.1.15)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号　62/245,828
(32)優先日　平成27年10月23日(2015.10.23)
最終頁に続く

(73)特許権者　507044516
プレジデント アンド フェローズ オブ ハーバード カレッジ
アメリカ合衆国 マサチューセッツ ０２１３８， ケンブリッジ， クインシー ストリート １７
(74)代理人　100102842
弁理士　葛和 清司
(72)発明者　リウ，デイビッド，アール．
アメリカ合衆国 マサチューセッツ州 ０２４２０、レキシントン、ホイットマン サークル ３
(72)発明者　フー，ジョニー，ハオ
アメリカ合衆国 マサチューセッツ州 ０２１３８、ケンブリッジ、リナイアン
最終頁に続く

(54)【発明の名称】　遺伝子編集のための進化したＣａｓ９蛋白質

(57)【特許請求の範囲】

【請求項１】

配列番号９により示されるＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセント同一であるアミノ酸配列を含み、

Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列が、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４Ｉ、およびＥ１２１９Ｖ変異を含み、

Ｃａｓ９蛋白質が、古典的ＰＡＭを含まない標的配列に対する増加した活性を示す、Ｃａｓ９蛋白質。

【請求項２】

Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列が、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｆ４０５Ｉ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩおよびＥ１２１９Ｖ変異を含む、請求項１に記載のＣａｓ９蛋白質。

【請求項３】

Ｃａｓ９蛋白質が、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａおよび／またはＨ８４０Ａ変異を含む、請求項１または２に記載のＣａｓ９蛋白質。

【請求項４】

Ｃａｓ９蛋白質が、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９蛋白質と比較して、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する増加した活性を示す、請求項１～３のいずれか一項に記載のＣａｓ９蛋白質。

【請求項５】

Ｃａｓ９蛋白質が、ＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む、請求項４に記載のＣａｓ９蛋白質。
【請求項６】
Ｃａｓ９蛋白質が、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していない３’末端を有する標的配列に対する活性を示し、同じ標的配列に対する、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのCas９蛋白質の活性と比較し、少なくとも５倍増加している、請求項４または５に記載のＣａｓ９蛋白質。
【請求項７】
標的配列の３’末端が、ＡＧＣ、ＧＡＧ、ＴＴＴ、ＧＴＧ、ＣＡＡ、ＣＡＣ、ＧＡＴ、ＴＡＡ、ＡＣＧ、ＣＧＡ、ＣＧＴ、ＡＡＡ、ＡＡＣ、ＡＡＧ、ＡＡＴ、ＣＡＧ、ＣＡＴ、ＧＡＡ、ＧＡＣ、ＴＡＣ、ＴＡＧ、ＴＡＴ、ＡＣＡ、ＡＣＣ、ＡＣＴ、ＣＣＡ、ＣＣＣ、ＣＣＧ、ＣＣＴ、ＧＣＡ、ＧＣＣ、ＧＣＧ、ＧＣＴ、ＴＣＡ、ＴＣＣ、ＴＣＧ、ＴＣＴ、ＡＧＡ、ＡＧＴ、ＣＧＣ、ＧＧＡ、ＧＧＣ、ＧＧＴ、ＴＧＡ、ＴＧＣ、ＴＧＴ、ＡＴＡ、ＡＴＣ、ＡＴＧ、ＡＴＴ、ＣＴＡ、ＣＴＣ、ＣＴＧ、ＣＴＴ、ＧＴＡ、ＧＴＣ、ＧＴＴ、ＴＴＡ、ＴＴＣ、またはＴＴＧ配列と直接隣接している、請求項１～６のいずれか一項に記載のＣａｓ９蛋白質。
【請求項８】
Ｃａｓ９蛋白質またはその断片がエフェクタードメインと融合し、それにより融合蛋白質を形成する、請求項１～７のいずれか一項に記載のＣａｓ９蛋白質を含む融合蛋白質。
【請求項９】
Ｃａｓ９蛋白質およびエフェクタードメインが、リンカーを介して融合する、請求項８に記載の融合蛋白質。
【請求項１０】
エフェクタードメインが、核酸編集ドメインである、請求項８または９に記載の融合蛋白質。
【請求項１１】
核酸編集ドメインが、デアミナーゼドメインである請求項１０に記載の融合蛋白質。
【請求項１２】
デアミナーゼドメインが、シトシンデアミナーゼまたはシチジンデアミナーゼである、請求項１１に記載の融合蛋白質。
【請求項１３】
デアミナーゼドメインが、アポリポ蛋白質Ｂ ｍＲＮＡ編集複合体（ＡＰＯＢＥＣ）ファミリーのデアミナーゼを含む、請求項１２に記載の融合蛋白質。
【請求項１４】
リンカーが、（ＧＧＧＧＳ）ｎ（配列番号５）、（Ｇ）ｎ、（ＥＡＡＡＫ）ｎ（配列番号６）、（ＧＧＳ）ｎ、ＳＧＳＥＴＰＧＴＳＥＳＡＴＰＥＳ（配列番号７）、（ＸＰ）ｎ、またはこれらのいずれかの組合せを含み、ｎが独立に１～３０の整数である、請求項９～１３のいずれか一項に記載の融合蛋白質。
【請求項１５】
エフェクタードメインが、ヌクレアーゼドメイン、ニッカーゼドメイン、リコンビナーゼドメイン、デアミナーゼドメイン、メチルトランスフェラーゼドメイン、メチラーゼドメイン、アセチラーゼドメイン、アセチルトランスフェラーゼドメイン、転写アクチベータードメインまたは転写リプレッサードメインを含む、請求項８～１０のいずれか一項に記載の融合蛋白質。
【請求項１６】
エフェクタードメインが、ヌクレアーゼドメインである、請求項８～１０および１５のいずれか一項に記載の融合蛋白質。
【請求項１７】
ヌクレアーゼドメインが、ＦｏｋＩ ＤＮＡ切断ドメインである、請求項１６に記載の融合蛋白質。

【請求項１８】
デアミナーゼドメインが、アデノシンデアミナーゼである、請求項１１に記載の融合蛋白質。
【請求項１９】
請求項８～１８のいずれか一項に記載の融合蛋白質の二量体。
【請求項２０】
第２のＣａｓ９蛋白質に融合した請求項１～７のいずれか一項に記載のＣａｓ９蛋白質を含む、融合蛋白質。
【請求項２１】
請求項１～７のいずれか一項に記載のＣａｓ９蛋白質または請求項８～１８および２０のいずれか一項に記載の融合蛋白質と、当該Ｃａｓ９蛋白質または当該融合蛋白質と結合するガイドＲＮＡと、を含む複合体。
【請求項２２】
ＤＮＡ分子に：
（ａ）請求項１～７のいずれか一項に記載のＣａｓ９蛋白質、請求項８～１８および２０のいずれか一項に記載の融合蛋白質、または請求項１９に記載の二量体と、約１５～１００ヌクレオチド長であり、標的配列と相補的な少なくとも１０の連続するヌクレオチドを含む、ガイドＲＮＡと、を接触させること、または、
（ｂ）請求項２１に記載の複合体を接触することを含む方法。
【請求項２３】
請求項１～７のいずれか一項に記載のＣａｓ９蛋白質または請求項８～１８および２０のいずれか一項に記載の融合蛋白質をコードする、ポリヌクレオチド。
【請求項２４】
請求項２３に記載のポリヌクレオチドを含む、ベクター。
【請求項２５】
請求項２３に記載のポリヌクレオチドおよびガイドＲＮＡをコードするヌクレオチド配列を含む、ベクター。
【請求項２６】
請求項１～７のいずれか一項に記載のＣａｓ９蛋白質、請求項８～１８および２０のいずれか一項に記載の融合蛋白質、請求項１９に記載の二量体、請求項２１に記載の複合体、請求項２３に記載のポリヌクレオチド、または請求項２４または２５に記載のベクターを含む、細胞。
【請求項２７】
医薬としての使用のための、請求項８～１８および２０のいずれか一項に記載の融合蛋白質または請求項１９に記載の二量体。
【請求項２８】
医薬としての使用のための、請求項２１に記載の複合体。
【請求項２９】
医薬としての使用のための、請求項２３に記載のポリヌクレオチド、請求項２４または２５に記載のベクター、または請求項２６に記載の細胞。
【発明の詳細な説明】
【技術分野】
【０００１】
関連出願
本出願は、2015年10月23日出願のU.S.S.N. 62/245,828、2016年1月15日出願のU.S.S.N. 62/279,346、2016年3月22日出願のU.S.S.N. 62/311,763、2016年4月13日出願のU.S.S.N. 62/322,178、2016年6月30日出願のU.S.S.N. 62/357,352、2016年8月3日出願のU.S.S.N. 62/370,700、2016年9月22日出願のU.S.S.N. 62/398,490、2016年10月14日出願のU.S.S.N. 62/408,686、および2016年6月30日出願のU.S.S.N. 62/357,332の米国仮特許出願に対して米国特許法§119(e)の下で優先権を主張する

；これらのそれぞれは、参照によって本明細書に組み込まれる。
【背景技術】
【０００２】
核酸配列の標的特異的編集、例えばゲノムＤＮＡへの標的特異的切断または特定の改変の標的特異的導入は、遺伝子機能の研究のためには高度に有望なアプローチであり、ヒト遺伝子疾患の新たな治療法を提供するポテンシャルをもまた有する（１）。理想的な核酸編集テクノロジーは３つの特性を所有する：（１）所望の改変を実装する高い効率；（２）最小限のオフターゲット活性；および（３）所与の核酸中のいずれかの部位、例えばヒトゲノム中のいずれかの部位を正確に編集するようにプログラムされる能力（２）。現行のゲノム操作ツールは、操作されたジンクフィンガーヌクレアーゼ（ＺＦＮ）（３）、転写活性化因子様エフェクターヌクレアーゼ（ＴＡＬＥＮ）（４）、および最も最近ではＲＮＡ誘導型ＤＮＡエンドヌクレアーゼＣａｓ９（５）を包含し、ゲノム中における配列特異的なＤＮＡ切断を生ぜしめる。このプログラム可能な切断は、非相同末端結合（ＮＨＥＪ）によって切断部位におけるＤＮＡの変異、または相同組換え修復（ＨＤＲ）によって切断部位の周辺のＤＮＡの置き換えをもたらし得る（６、７）。
【０００３】
現行のテクノロジーの１つの欠点は、ＮＨＥＪおよびＨＤＲ両方が確率的なプロセスであり、これらが典型的には控えめな遺伝子編集効率と、所望の変改と競合し得る不要の遺伝子変改とをもたらすということである（８）。原理的には、多くの遺伝子疾患はゲノム中の特定の場所における特定のヌクレオチド変化を生ぜしめることによって処置され得るので（例えば、疾患に関連する遺伝子の特定のコドンにおけるＣからＴへの変化）（９）、かかる高精度遺伝子編集を達成するためのプログラム可能なやり方の開発は、強力な新たな研究ツール、かつ遺伝子編集に基づくヒト治療の潜在的な新たなアプローチということになるであろう。
【０００４】
現在のゲノムエンジニアリングツールの他の欠点は、それらが標的にできるＤＮＡの塩基配列が限定されるということである。ＺＮＦｓまたはＴＡＬＥＮＳを使用するとき、個々の標的配列毎に新規な蛋白質を生成させなければならない。Ｃａｓ９は、好適なガイドＲＮＡを提供することによって、実質的にいかなる標的配列も標的とすることができる一方、標的となるＤＮＡの塩基配列の３’末端に隣接して存在し、Ｃａｓ９蛋白質が結合し、標的配列に作用するプロトスペーサー隣接モチーフ（ＰＡＭ）、典型的にはヌクレオチド配列５’－ＮＧＧ－３’の厳しい要件によって、標的にできる配列に関し、Ｃａｓ９の技術は未だ限定されたものである。このように、ＰＡＭの要件により、Ｃａｓ９蛋白質によって効率的に標的とされうる配列が限定されたものとなる。
【発明の概要】
【０００５】
重要なことに、ヒトの疾患に関与する蛋白質変異の８０～９０パーセントは、単一ヌクレオチドのみの置換、削除または挿入から生じる（６）。現在の一塩基の遺伝子修正に対する大部分のストラテジーとしては、設計されたヌクレアーゼ（二本鎖切断（ＤＳＢ）の作成、それに続く確率的な、非効率的なホモロジー誘導型の修復（ＨＤＲ）に依存する）およびＤＮＡ－ＲＮＡキメラオリゴヌクレオチドが挙げられる（２２）。後者のストラテジーは、ゲノムＤＮＡ中の、編集しようとするヌクレオチド以外の特定の配列を有する塩基対に対するＲＮＡ／ＤＮＡの塩基配列の設計を含む。結果として生じる不適当な組合せは、細胞に内在する修復系により認識され、修復され、キメラまたはゲノムの配列の変化をもたらす。これらのストラテジーのいずれも、低い遺伝子編集効率および不必要な遺伝子変化が欠点であるが、それらは、ＨＤＲの確率論依存性ならびにＨＤＲと非相同末端結合（ＮＨＥＪ）の両方によるものである（２３～２５）。ＨＤＲ効率は、ゲノム内の標的遺伝子の位置（２６）、細胞周期の状態（２７）、ならびに細胞／組織のタイプに応じて変化する（２８）。酵素の様な効率で、ゲノムＤＮＡ内の正確な部位に特定のタイプの塩基修飾を導入するための、直接的な、プログラム可能な、また確率論に依存しない方法の

開発は、遺伝子編集ベースの調査ツールおよびヒトの治療への強力かつ新規なアプローチとなる。

【０００６】

Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeat（ＣＲＩＳＰＲ）システムは最近発見された原核生物の適応免疫システムであり（１０）、これは改変されて、種々の生物および細胞株におけるロバストで一般的なゲノム操作を可能にしている（１１）。ＣＲＩＳＰＲ－Ｃａｓ（ＣＲＩＳＰＲ関連）システムは蛋白質－ＲＮＡ複合体であり、これは、塩基対形成によって標的ＤＮＡ配列に複合体を局在させるためのガイドとしてＲＮＡ分子（ｓｇＲＮＡ）を用いる（１２）。それから、天然のシステムにおいては、Ｃａｓ蛋白質はエンドヌクレアーゼとして働いて、標的のＤＮＡ配列を切断する（１３）。システムが機能するためには、標的ＤＮＡ配列はｓｇＲＮＡに対して相補的であり、かつ相補領域の３’末端に「プロトスペーサー隣接モチーフ」（ＰＡＭ）をもまた含有しなければならない（１４）。

【０００７】

本発明では、３’－末端に古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’、Ｎはいずれかのヌクレオチド）を含まない標的配列に対する活性を示す新規Ｃａｓ９変異体が提供される。かかるＣａｓ９変異体は、３’－末端に古典的ＰＡＭ配列を含む標的配列に限定されない。

【０００８】

公知のＣａｓ蛋白質のなかで、Streptococcus pyogenes Ｃａｓ９はゲノム操作のためのツールとして主として広く用いられてきた（１５）。このＣａｓ９蛋白質は２つの別々のヌクレアーゼドメインを含有する大きいマルチドメイン蛋白質である。点変異がヌクレアーゼ活性を喪失させるようにＣａｓ９に導入されて、ｓｇＲＮＡによってプログラムされた様式でＤＮＡに結合するその能力をなお保持する不活性型Ｃａｓ９（ｄＣａｓ９）をもたらし得る（１６）。原理的には、かかるＣａｓ９変異体は、別の蛋白質またはドメインに融合したときに、単純に適切なｓｇＲＮＡとの共発現によってその蛋白質を実質的にいずれかのＤＮＡ配列にターゲティングし得る。ゆえに、本発明の開示はまた、かかるＣａｓ９変異体およびＤＮＡ修復ドメイン（例えばデアミナーゼ、ヌクレアーゼ、ニッカーゼ、リコンビナーゼ、メチルトランスフェラーゼ、メチラーゼ、アセチラーゼ、アセチルトランスフェラーゼ、転写アクチベーターまたは転写リプレッサードメイン）を含む融合蛋白質、ならびに、かかる融合蛋白質の、ゲノム（例えばヒト被験者のゲノム）内の疾患に関係する変異の修正、またはゲノム（例えばヒトゲノム）内に変異を生成させ、遺伝子の発現を低減または防止することへの使用を包含する。

【０００９】

いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質のいずれも、酵素活性を有する蛋白質と融合できる。いくつかの態様において、酵素活性は、標的ＤＮＡを修飾する。いくつかの態様において、酵素活性は、ヌクレアーゼ活性、メチルトランスフェラーゼ活性、デメチラーゼ活性、ＤＮＡ修復活性、ＤＮＡ損傷活性、脱アミノ活性、ジスムターゼ活性、アルキル化活性、脱プリン活性、酸化活性、ピリミジン二量体形成活性、インテグラーゼ活性、トランスポザーゼ活性、リコンビナーゼ活性、ポリメラーゼ活性、リガーゼ活性、ヘリカーゼ活性、フォトリアーゼ活性またはグリコシラーゼ活性である。いくつかの態様では、酵素活性は、ヌクレアーゼ活性である。いくつかの態様では、ヌクレアーゼ活性は、標的ＤＮＡの二本鎖を切断する。いくつかの態様では、酵素活性は、標的ＤＮＡと関連する標的ポリペプチドを修飾する。いくつかの態様では、酵素活性は、メチルトランスフェラーゼ活性、デメチラーゼ活性、アセチルトランスフェラーゼ活性、デアセチラーゼ活性、キナーゼ活性、フォスファターゼ活性、ユビキチンリガーゼ活性、脱ユビキチン活性、アデニル化活性、脱アデニル活性、ＳＵＭＯ化活性、脱ＳＵＭＯ化活性、リボシル化活性、脱リボシル化活性、ミリストイル化活性または非ミリストイル化活性である。いくつかの態様では、標的ポリペプチドはヒストンであり、酵素活性はメチルトランスフェラーゼ活性、デメチラーゼ活性、アセチルトランスフェラーゼ活性、デアセチラーゼ活性、キナーゼ活性、フォスファターゼ活性、ユビキチンリガーゼ活性または脱ユビキ

チン活性である。
【００１０】
いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質のいずれも、酵素活性を有する蛋白質と融合できる。いくつかの態様において、酵素活性は、ＤＮＡ（例えばヒストン）に関連するポリペプチドを修飾する。いくつかの態様において、酵素活性は、メチルトランスフェラーゼ活性、デメチラーゼ活性、アセチルトランスフェラーゼ活性、デアセチラーゼ活性、キナーゼ活性、フォスファターゼ活性、ユビキチンリガーゼ活性（すなわちユビキチン化活性）、脱ユビキチン活性、アデニル化活性、脱アデニル活性、ＳＵＭＯ化活性、脱ＳＵＭＯ化活性、リボシル化活性、脱リボシル化活性、ミリストイル化活性、非ミリストイル化活性グリコシル化活性（例えばＯ－ＧｌｃＮＡｃトランスフェラーゼから）または脱グリコシル活性である。本明細書において列挙される酵素活性は、蛋白質に対する共有結合的な修飾を触媒する。標的蛋白質の安定性または活性を変化させるためのかかる修飾は公知技術である（例えばキナーゼ活性によるリン酸化により、標的蛋白質に応じて蛋白質活性を刺激または鎮静化することができる）。標的蛋白質として特に挙げられるのは、ヒストンである。ヒストン蛋白質は、ＤＮＡと結合し、ヌクレオソームとして公知の複合体を形成するものとして、従来技術において周知である。ヒストンを（例えばメチル化、アセチル化、ユビキチン化、リン酸化によって）修飾することにより、周囲のＤＮＡの構造変化が生じそれにより、相互作用因子（例えば転写因子、ポリメラーゼなど）へのＤＮＡの潜在的に大きな部分のアクセス可能性が制御される。単一のヒストンは、様々な方法で、また様々な組合せで修飾できる（例えばヒストン３のリジン２７（Ｈ３Ｋ２７）のトリメチル化が、ＤＮＡ領域の転写抑制に関与し、ヒストン３のリジン４（Ｈ３Ｋ４）のトリメチル化が、ＤＮＡ領域の能動的な転写に関与する）。このように、ヒストン修飾活性を有する部位特異的修飾ポリペプチドは、ＤＮＡ構造の部位特異的制御への使用を提供し、また標的ＤＮＡの選択された領域のヒストン修飾パターンの変更に用いることができる。かかる方法は、研究および臨床用途に使用できる。
【００１１】
いくつかの態様において、デアミナーゼドメインは、分子内のアミン基の除去を触媒する。さらなる態様において、シチジンデアミナーゼドメインは、シトシンを脱アミノ化し、ウラシルを産生する。他の態様において、ヌクレアーゼドメインは、酵素活性を有し、核酸のヌクレオチドサブユニット間のホスホジエステル結合を切断できる。いくつかの態様において、ＤＮＡの特定の配列を再結合するリコンビナーゼドメインは、ゲノム構造を操作し、遺伝子形質発現を制御するために用いることができる。さらなる態様において、メチラーゼドメインは、それらのそれぞれの基質のメチル化に利用でき、一方、アセチラーゼドメインは、それらのそれぞれの基質のアセチル化に用いることができる。他の態様において、アセチルトランスフェラーゼドメインは、アセチル基の転移のために用いることができる。アセチルトランスフェラーゼ分子の例としては、ヒストンアセチルトランスフェラーゼ（例えばＣＢＰヒストンアセチルトランスフェラーゼ）、コリンアセチルトランスフェラーゼ、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ、セロトニンＮ－アセチルトランスフェラーゼ、ＮａｔＡアセチルトランスフェラーゼおよびＮａｔＢアセチルトランスフェラーゼがあげられるが、これらに限定されない。本発明の開示はまた、転写アクチベーターおよび転写リプレッサードメインも包含する。転写アクチベータードメインは、ＤＮＡ結合ドメイン、一般的な転写因子およびＲＮＡポリメラーゼとの一または複数の相互作用を通じてプロモーターからの転写を活性化することができる転写因子の領域である。転写リプレッサードメインは、ＤＮＡ結合ドメイン、一般的な転写因子およびＲＮＡポリメラーゼとの一または複数の相互作用を通じてプロモーターからの転写を抑制することができる転写因子の領域である。
【００１２】
ゲノム操作目的にとってのＣａｓ９システムのポテンシャルは甚大である。ｓｇＲＮＡによってプログラムされたゲノム中の特定の部位に蛋白質を持っていくそのユニークな能力は、転写活性化因子、転写リプレッサー、ヒストン修飾蛋白質、インテグラーゼ、デア

ミナーゼ、およびリコンビナーゼを包含する、ヌクレアーゼを超えた種々の部位特異的ゲノム操作ツールへと発展させられ得る（１１）。それらの潜在的な用途のいくつかは、転写活性化因子とのｄＣａｓ９融合体によって最近実装されて、ＲＮＡ誘導型の転写活性化因子（１７、１８）、転写リプレッサー（１６、１９、２０）、およびクロマチン修飾酵素を提供した（２１）。それらの融合体の種々のｓｇＲＮＡとの単純な共発現は、標的遺伝子の特異的発現をもたらす。これらの先駆的研究は、ゲノムの正確な操作のためのたやすくプログラム可能な配列特異的エフェクターの設計および構築への道を敷いた。

【００１３】

本発明の開示のいくつかの態様は、被験者のゲノム（例えばヒト被験者のゲノム）内の単一部位の編集などの、標的特異的な結合、編集および／または核酸の切断に有用なストラテジー、システム、蛋白質、核酸、組成物、細胞、試薬、方法およびキットを提供する。いくつかの態様において、組み換えＣａｓ９蛋白質は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質と比較し、少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つ、少なくとも７つ、少なくとも８つ、少なくとも９つまたは少なくとも１０の変異を含み、３’－末端の古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’、Ｎはいずれかのヌクレオチド）を含まない標的配列に対して活性を示す。かかるＣａｓ９蛋白質変異の例を表３、５、８および９に示す。いくつかの態様において、Ｃａｓ９と、核酸編集酵素または酵素的ドメイン（例えばデアミナーゼドメイン）との融合蛋白質が提供される。いくつかの態様において、標的特異的な核酸との結合、編集および／または切断のための方法が提供される。いくつかの態様において、標的特異的な核酸との結合、編集および／または切断蛋白質（例えばＣａｓ９変異体と核酸編集酵素またはドメインとの融合蛋白質）の生成のための試薬およびキットが提供される。

【００１４】

本発明の開示のいくつかの側面は、配列番号(SEQ ID NOs:)９～２６２のいずれかにより示されるＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセント同一であるアミノ酸配列を含む組み換えＣａｓ９蛋白質を提供し、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列を有するＳ．ｐｙｏｇｅｎｅｓのＣａｓ９のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応するアミノ酸残基、からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含む。いくつかの態様において、組み換えＣａｓ９蛋白質は、ＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む。いくつかの態様において、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でない。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６２Ｔ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｋ２９４Ｒ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩおよびＥ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含む。

【００１５】

本発明の開示の他の側面は、配列番号１０～２６２のいずれかにより示されるＣａｓ９

のアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセント同一であるアミノ酸配列を含む組み換えＣａｓ９蛋白質を提供し、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基２６２、２６７、２９４、４０５、４０９、４８０、５４３、６９４、１２１９、１２２４、１２５６および１３６２、または配列番号１０から２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応するアミノ酸残基、からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でない。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、ＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６２Ｔ、Ｘ２６７Ｇ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４０５Ｉ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４Ｉ、Ｘ１２１９Ｖ、Ｘ１２２４ＫおよびＸ１２５６Ｋ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｓ２６７Ｇ、Ｋ２９４Ｒ、Ｆ４０５Ｉ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４Ｉ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｎ１２２４Ｋ、およびＱ１２５６Ｋ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含む。

【００１６】

本明細書に記載のアミノ酸変異、例えば第１のアミノ酸残基（例えばＡ）から第２のアミノ酸残基（例えばＴ）へのアミノ酸変異（例えばＡ２６２Ｔ）は、第１のアミノ酸残基から、当該第２のアミノ酸残基と類似するアミノ酸残基への（保存的）変異を含むと理解されるべきである。例えばスレオニン（例えばＡ２６２Ｔ変異）へのアラニンの変異は、アラニンから、サイズおよび化学的性質の点でスレオニンと同様であるアミノ酸（例えばセリン）への変異でもよい。さらなる類似のアミノ酸対としては、限定されないが、以下のものが挙げられる：フェニルアラニンおよびチロシン、アスパラギンおよびグルタミン、メチオニンおよびシステイン、アスパラギン酸およびグルタミン酸、ならびにアルギニンおよびリジン。当業者であれば、かかる保存的アミノ酸置換がおそらく蛋白質構造に与える影響が軽微であり、機能の喪失をもたらさないことを認識するであろう。いくつかの態様において、本発明で提供される、あるアミノ酸からスレオニンへのいかなるアミノ酸変異も、セリンへのアミノ酸変異であってもよい。いくつかの態様において、本発明で提供される、あるアミノ酸からアルギニンへのいかなるアミノ酸変異も、リシンへのアミノ酸変異であってもよい。いくつかの態様において、本発明で提供される、あるアミノ酸からイソロイシンへのいかなるアミノ酸変異も、アラニン、バリン、メチオニンまたはロイシンへのアミノ酸変異であってもよい。いくつかの態様において、本発明で提供される、あるアミノ酸からリシンへのいかなるアミノ酸変異も、アルギニンへのアミノ酸変異であってもよい。いくつかの態様において、本発明で提供される、あるアミノ酸からアスパラギン酸へのいかなるアミノ酸変異も、グルタミン酸またはアスパラギンへのアミノ酸変異であってもよい。いくつかの態様において、本発明で提供される、あるアミノ酸からバリンへのいかなるアミノ酸変異も、アラニン、イソロイシン、メチオニンまたはロイシンへのアミノ酸変異であってもよい。いくつかの態様において、本発明で提供される、あるアミノ酸からグリシンへのいかなるアミノ酸変異も、アラニンへのアミノ酸変異であってもよい。しかしながら、さらなる保存的アミノ酸残基が当業者により認識され、他の保存的アミノ酸残基へのアミノ酸変異のいずれも本発明の開示の範囲内であることを認識すべき

である。
【００１７】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、融合蛋白質のＣａｓ９ドメインである。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。いくつかの態様において、変異は、Ｘ１２１９Ａ、Ｘ１２１９Ｉ、Ｘ１２１９ＭまたはＸ１２１９Ｌである。
【００１８】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＥ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、変異は、Ｅ１２１９Ａ、Ｅ１２１９Ｉ、Ｅ１２１９ＭまたはＥ１２１９Ｌである。
【００１９】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ４８０Ｋ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。いくつかの態様において、変異は、Ｘ４８０Ｒである。
【００２０】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＥ４８０Ｋ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、変異は、Ｅ４８０Ｒである。
【００２１】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ５４３Ｄ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。いくつかの態様において、変異は、Ｘ５４３Ｎである。
【００２２】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＥ５４３Ｄ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、変異は、Ｅ５４３Ｎである。
【００２３】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列の変異Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３ＤおよびＸ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００２４】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６２Ｔ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００２５】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２９４Ｒ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ１２１９Ｖ、Ｘ１２５６ＫおよびＸ１３６２Ｐ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００２６】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２９４Ｒ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ１２１９Ｖ、およびＸ１２５６Ｋ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。

【００２７】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６７Ｇ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ１２１９Ｖ、Ｘ１２２４ＫおよびＸ１２５６Ｋ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００２８】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６２Ｔ、Ｘ４０５Ｉ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００２９】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列の変異Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３ＤおよびＥ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。
【００３０】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩおよびＥ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。
【００３１】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＫ２９４Ｒ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｑ１２５６ＫおよびＬ１３６２Ｐ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。
【００３２】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＫ２９４Ｒ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９ＶおよびＱ１２５６Ｋ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。
【００３３】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＳ２６７Ｇ、Ｋ２９４Ｒ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｎ１２２４ＫおよびＱ１２５６Ｋ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。
【００３４】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｆ４０５Ｉ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩおよびＥ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。
【００３５】
Ｃａｓ９のＨＮＨヌクレアーゼドメインは、ガイドＲＮＡ（ｇＲＮＡ）と相補的なＤＮＡ鎖を切断するように機能する。その活性部位は、ββαメタルフォールドからなり、そのヒスチジン８４０は水分子を活性化して切断されやすいリン酸エステルを攻撃させるが、それはマグネシウムイオンの配位のため求電子性であり、その結果３’－５’のリン酸結合が切断される。いくつかの態様において、ＨＮＨドメインのアミノ酸配列が、配列番号９～２６２のいずれかのＨＮＨドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、ＨＮＨドメインのアミノ酸配列は、配列番号

９－２６２のいずれかのＨＮＨドメインのアミノ酸配列と同一である。
【００３６】
Ｃａｓ９のＲｕｖＣドメインは、非標的ＤＮＡ鎖を切断する。それは、配列的に隔離された部位でコードされるが、三次構造的に相互作用してＲｕｖＣ切断ドメインを形成し、またそれはＲＮａｓｅＨ折り畳み構造からなる。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号９～２６２のいずれかのＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号９～２６２のＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と同一である。
【００３７】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、ＤＮＡ二重らせんの一方または両方の鎖を切断するＣａｓ９の能力に影響を及ぼす（例えば阻害する）１以上の変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａおよび／またはＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０X_1および／またはＨ８４０X_2変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、X_1はＤ以外のいずれかのアミノ酸であり、X_2はＨ以外のいずれかのアミノ酸である。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基８４０においてＨを、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する残基、を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基１０においてＤを、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する残基、を含む。
【００３８】
いくつかの態様において、本発明の開示に係るＣａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する増加した活性（例えば結合活性）を示す。
【００３９】
本発明の開示のいくつかの側面は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセント同一であり、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列が、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基２６２、２６７、２９４、４０５、４０９、４８０、５４３、６９４、１２１９、１２２４、１２５６および１３６２からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは少なくとも７つの変異を含み、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でなく、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する増加した活性を示す、組み換えＣａｓ９蛋白質が提供される。いくつかの態様において、Streptococcus pyogenesのＣａｓ９は、ＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む。他の態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含む。

【００４０】
一例として、Ｃａｓ９蛋白質は、Ｃａｓ９蛋白質が酵素活性を有する酵素などのさらなるドメインと融合するか否かに依存して、標的配列に対する強化された結合を示すことができ、標的配列に対する強化されたヌクレアーゼ活性を示すことができ、または他の強化された活性を示すことができる。いくつかの態様において、酵素活性は、標的ＤＮＡを修飾する。いくつかの態様において、酵素活性は、ヌクレアーゼ活性、メチルトランスフェラーゼ活性、デメチラーゼ活性、ＤＮＡ修復活性、ＤＮＡ損傷活性、脱アミノ活性、ジスムターゼ活性、アルキル化活性、脱プリン活性、酸化活性、ピリミジン二量体形成活性、インテグラーゼ活性、トランスポザーゼ活性、リコンビナーゼ活性、ポリメラーゼ活性、リガーゼ活性、ヘリカーゼ活性、フォトリアーゼ活性またはグリコシラーゼ活性である。いくつかの態様では、酵素活性は、ヌクレアーゼ活性である。いくつかの態様では、ヌクレアーゼ活性は、標的ＤＮＡの二本鎖を切断する。いくつかの態様では、酵素活性は、標的ＤＮＡと関連する標的ポリペプチドを修飾する。いくつかの態様では、酵素活性は、メチルトランスフェラーゼ活性、デメチラーゼ活性、アセチルトランスフェラーゼ活性、デアセチラーゼ活性、キナーゼ活性、フォスファターゼ活性、ユビキチンリガーゼ活性、脱ユビキチン活性、アデニル化活性、脱アデニル活性、ＳＵＭＯ化活性、脱ＳＵＭＯ化活性、リボシル化活性、脱リボシル化活性、ミリストイル化活性または非ミリストイル化活性である。いくつかの態様では、標的ポリペプチドはヒストンであり、酵素活性はメチルトランスフェラーゼ活性、デメチラーゼ活性、アセチルトランスフェラーゼ活性、デアセチラーゼ活性、キナーゼ活性、フォスファターゼ活性、ユビキチンリガーゼ活性または脱ユビキチン活性である。

【００４１】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のいずれも、酵素活性を有する蛋白質と融合する。いくつかの態様において、酵素活性は、ＤＮＡ（例えばヒストン）に関連するポリペプチドを修飾する。いくつかの態様において、酵素活性は、メチルトランスフェラーゼ活性、デメチラーゼ活性、アセチルトランスフェラーゼ活性、デアセチラーゼ活性、キナーゼ活性、フォスファターゼ活性、ユビキチンリガーゼ活性（すなわちユビキチン化活性）、脱ユビキチン活性、アデニル化活性、脱アデニル活性、ＳＵＭＯ化活性、脱ＳＵＭＯ化活性、リボシル化活性、脱リボシル化活性、ミリストイル化活性、非ミリストイル化活性グリコシル化活性（例えばＯ－ＧｌｃＮＡｃトランスフェラーゼから）または脱グリコシル活性である。本明細書において列挙される酵素活性は、蛋白質に対する共有結合的な修飾を触媒する。標的蛋白質の安定性または活性を変化させるためのかかる修飾は公知技術である（例えばキナーゼ活性によるリン酸化により、標的蛋白質に応じて蛋白質活性を刺激または鎮静化することができる）。標的蛋白質として特に挙げられるのは、ヒストンである。ヒストン蛋白質は、ＤＮＡと結合し、ヌクレオソームとして公知の複合体を形成するものとして、従来技術において周知である。ヒストンを（例えばメチル化、アセチル化、ユビキチン化、リン酸化によって）修飾することにより、周囲のＤＮＡの構造変化が生じそれにより、相互作用因子（例えば転写因子、ポリメラーゼなど）へのＤＮＡの潜在的に大きな部分のアクセス可能性が制御される。単一のヒストンは、様々な方法で、また様々な組合せで修飾できる（例えばヒストン３のリジン２７（Ｈ３Ｋ２７）のトリメチル化が、ＤＮＡ領域の転写抑制に関与し、ヒストン３のリジン４（Ｈ３Ｋ４）のトリメチル化が、ＤＮＡ領域の能動的な転写に関与する）。このように、ヒストン修飾活性を有する部位特異的修飾ポリペプチドは、ＤＮＡ構造の部位特異的制御への使用を提供し、また標的ＤＮＡの選択された領域のヒストン修飾パターンの変更に用いることができる。かかる方法は、研究および臨床用途に使用できる。

【００４２】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していないか有していない３’末端を有する標的配列に対する活性を示し、同じ標的配列に対する、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenes Ｃａｓ９の活性と比較し、少なくとも２倍、少なくとも３倍、少なくとも５倍、少なくとも１０倍、少なく

とも５０倍、少なくとも１００倍、少なくとも５００倍、少なくとも１，０００倍、少なくとも５，０００倍、少なくとも１０，０００倍、少なくとも５０，０００倍、少なくとも１００，０００倍、少なくとも５００，０００倍、または少なくとも１，０００，０００倍増加している。

【００４３】

いくつかの態様において、標的配列の３’末端は、直接ＡＧＣ、ＧＡＧ、ＴＴＴ、ＧＴＧ、ＣＡＡ、ＣＡＣ、ＧＡＴ、ＴＡＡ、ＡＣＧ、ＣＧＡまたはＣＧＴに隣接する。

【００４４】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質活性は、ヌクレアーゼアッセイまたは核酸結合アッセイで測定され、それは従来技術において周知で、当業者にとり明らかである。本明細書に示されるように、Ｃａｓ９蛋白質は、蛋白質に核酸編集活性（例えばデアミナーゼ活性または転写活性化活性）などの活性を与える１以上のドメインと融合させることができ、当該活性は例えばデアミナーゼアッセイまたは転写活性化アッセイによって測定できる。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質をデアミナーゼドメインと融合させ、その活性を、デアミナーゼアッセイを使用して測定できる。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質を転写活性化ドメインと融合させ、その活性を、転写活性化アッセイ（例えばレポーター活性化アッセイ）を使用して測定でき、その際、当該レポーター（例えば特にＧＦＰまたはルシフェラーゼ）は、Ｃａｓ９の標的配列への結合に応答して発現される。

【００４５】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、本明細書で提供される変異のいずれかを含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６２Ｔ、Ｘ２６７Ｇ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４０５Ｉ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４Ｉ、Ｘ１２１９Ｖ、Ｎ１２２４Ｋ、Ｘ１２２４ＫおよびＸ１３６２Ｐ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。他の態様において、変異は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｓ２６７Ｇ、Ｋ２９４Ｒ、Ｆ４０５Ｉ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４Ｉ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｎ１２２４Ｋ、Ｑ１２５６ＫおよびＬ１３６２Ｐ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異であってもよい。

【００４６】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、本明細書で提供される変異のいずれかを含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６２Ｔ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。他の態様において、変異は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｋ２９４Ｒ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩまたはＥ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異であってもよい。

【００４７】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ１２１９Ｖ変異またはＥ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。

【００４８】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ４８０Ｋ変異またはＥ４８０Ｋ変異、または配列番号１０～２６２に示さ

れるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００４９】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ５４３Ｄ変異またはＥ５４３Ｄ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００５０】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９のアミノ酸配列は、変異Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３ＤおよびＸ１２１９Ｖ、または配列番号９に示されるアミノ酸配列の変異Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３ＤおよびＥ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００５１】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９のアミノ酸配列は、変異Ｘ２６２Ｔ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ、または配列番号９に示されるアミノ酸配列の変異Ａ２６２Ｔ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩおよびＥ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００５２】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、変異Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ１２１９Ｖ、Ｘ１２５６ＫおよびＸ１３６２Ｐ、または配列番号９に示されるアミノ酸配列の変異Ｋ２９４Ｒ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｑ１２５６ＫおよびＬ１３６２Ｐ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００５３】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列の変異Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ１２１９ＶおよびＸ１２５６Ｋ、または変異Ｋ２９４Ｒ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９ＶおよびＱ１２５６Ｋ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００５４】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、変異Ｘ２６７Ｇ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ１２１９Ｖ、Ｘ１２２４ＫおよびＸ１２５６Ｋ、または配列番号９に示されるアミノ酸配列の変異Ｓ２６７Ｇ、Ｋ２９４Ｒ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３ＤＥ１２１９Ｖ、Ｎ１２２４ＫおよびＱ１２５６Ｋ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００５５】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、変異Ｘ２６２Ｔ、Ｘ４０５Ｉ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ、または配列番号９に示されるアミノ酸配列の変異Ａ２６２Ｔ、Ｆ４０５Ｉ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩおよびＥ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸を表す。
【００５６】
いくつかの態様において、ＨＮＨドメインのアミノ酸配列は、配列番号９～２６２のいずれかのＨＮＨドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、ＨＮＨドメインのアミノ酸配列は、配列番号９～２６２のＨＮＨドメインのいずれかのアミノ酸配列と同一である。
【００５７】

いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号９～２６２のいずれかのＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号９～２６２のＲｕｖＣドメインのいずれかのアミノ酸配列と同一である。

【００５８】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列の変異Ｄ１０Ａおよび／またはＨ８４０Ａ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０$Ｘ_1$および／またはＨ８４０$Ｘ_2$変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、$Ｘ_1$は、Ｄ以外のいずれかのアミノ酸であり、$Ｘ_2$はＨ以外のいずれかのアミノ酸である。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基８４０においてＨを、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する残基を、含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基１０においてＤを、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する残基を、含む。

【００５９】

本発明の開示のいくつかの側面は、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質を含む融合蛋白質を提供し、それは第２の蛋白質と融合することにより、融合蛋白質を形成する。いくつかの態様において、第２の蛋白質は、Ｃａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、第２の蛋白質は、Ｃａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９ドメインおよびエフェクタードメインは、リンカーを介して融合する。リンカーは一個の共有結合でもよく、または多くの原子が重合した長いリンカーでもよい。特定の態様において、リンカーは、ポリペプチドまたはアミノ酸をベースとするものである。他の態様において、リンカーは、ペプチド様のものでない。特定の態様において、リンカーは、共有結合（例えば炭素－炭素結合、ジスルフィド結合、炭素－ヘテロ原子結合など）である。特定の態様において、リンカーは、アミド結合による炭素－窒素結合である。特定の態様において、リンカーは、環式または非環式の、置換または非置換の、分岐状または直鎖状の脂肪族またはヘテロ脂肪族リンカーである。特定の態様において、リンカーは、重合体（例えばポリエチレン、ポリエチレングリコール、ポリアミド、ポリエステルなど）である。特定の態様において、リンカーは、アミノアルカン酸のモノマー、ダイマーまたはポリマーを含む。特定の態様において、リンカーは、アミノアルカン酸の（例えばグリシン、エタン酸、アラニン、βアラニン、３－アミノプロパン酸、４－アミノブタン酸、５－ペンタン酸など）を含む。特定の態様において、リンカーは、アミノヘキサン酸（Ａｈｘ）のモノマー、ダイマーまたはポリマーを含む。特定の態様において、リンカーは、炭素環式部分（例えばシクロペンタン、シクロヘキサン）をベースとするものである。他の態様において、リンカーは、ポリエチレングリコール部分（ＰＥＧ）を含む。他の態様において、リンカーは、アミノ酸を含む。特定の態様において、リンカーは、ペプチドを含む。特定の態様において、リンカーは、アリールまたはヘテロアリール部分を含む。特定の態様において、リンカーは、フェニル環をベースとする。リンカーは、官能化部分を含むことで、ペプチド由来の求核種（例えばチオール、アミノ基）のリンカーへの結合を促進するものでもよい。いずれかの求電子種を用いてリンカーの一部としてもよい。例示的な求電子種としては、活性化エステル、活性化アミド、マイケルアクセプタ

ー、ハロゲン化アルキル、ハロゲン化アリール、ハロゲン化アシルおよびイソチオシアネートが挙げられるが、これらに限定されない。

【００６０】

いくつかの態様において、リンカーは、２つの分子または部分、例えば融合蛋白質（例えばヌクレアーゼ不活性Ｃａｓ９ドメインとエフェクタードメイン（例えばデアミナーゼドメイン）の２つのドメイン）を連結する化学基または分子を含む。いくつかの態様において、リンカーは、１以上のアミノ酸残基を含む。例えばリンカーは、少なくとも１、２、３、４、５、６、７、８、９、１０、１１、１２、１３、１４、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２５、３０、３５、４０、４５、５０またはそれ以上のアミノ酸残基を含んでもよい。いくつかの態様において、リンカーは、３、９、１６または２１アミノ酸長である。いくつかの態様において、リンカーは、（ＧＧＧＧＳ）$_n$（配列番号５）（Ｇ）$_n$、（ＥＡＡＡＫ）$_n$（配列番号６）、（ＧＧＳ）$_n$、SGSETPGTSESATPES（配列番号７）（またＸＴＥＮと称される）または（ＸＰ）$_n$のモチーフ、またはこれらのいずれかの組合せを含み、ｎは独立に１～３０の整数である。いくつかの態様において、リンカーは、（ＧＧＳ）$_3$モチーフまたはSGSETPGTSESATPES（配列番号７）（ＸＴＥＮ）モチーフを含む。

【００６１】

本発明の開示のいくつかの側面は、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質を含む融合蛋白質を提供し、それは第２の蛋白質と融合することにより、融合蛋白質を形成する。いくつかの態様において、第２の蛋白質は、Ｃａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、第２の蛋白質は、Ｃａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９ドメインおよびエフェクタードメインは、核局在化配列（ＮＬＳ）（例えばアミノ酸配列ＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号２９９）、ＭＤＳＬＬＭＮＲＲＫＦＬＹＱＦＫＮＶＲＷＡＫＧＲＲＥＴＹＬＣ（配列番号３００）またはＳＰＫＫＫＲＫＶＥＡＳ（配列番号２８４）を含むＮＬＳ）を介して融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、上記のリンカーのいずれかと結合することができる。

【００６２】

いくつかの態様において、エフェクタードメインは酵素ドメインを含む。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、ヌクレアーゼ、ニッカーゼ、リコンビナーゼ、デアミナーゼ、メチルトランスフェラーゼ、メチラーゼ、アセチラーゼ、アセチルトランスフェラーゼ、転写活性化因子、または転写リプレッサードメインを含み、これらはそれぞれ、ヌクレアーゼ活性、ニッカーゼ活性、リコンビナーゼ活性、デアミナーゼ活性、メチルトランスフェラーゼ活性、メチラーゼ活性、アセチラーゼ活性、アセチルトランスフェラーゼ活性、転写活性化因子活性、または転写リプレッサー活性を有していてもよい。いくつかの態様において、エフェクタードメインはエフェクタードメインである。いくつかの態様において、エフェクタードメインはデアミナーゼドメインである。いくつかの態様において、デアミナーゼはシトシンデアミナーゼまたはシチジンデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはアポリポ蛋白質Ｂ ｍＲＮＡ編集複合体（ＡＰＯＢＥＣ）ファミリーデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ１デアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ２デアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ３デアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ３Ａデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ３Ｄデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ３Ｅデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ３Ｆデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ３Ｇデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ３Ｈデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼはＡＰＯＢＥＣ４デアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは活性化誘導デアミナーゼ（ＡＩＤ）である。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、配列番号２６３～２８１のいずれか１つのデアミナーゼドメインと、少な

くとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント）、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、デアミナーゼは、シチジンデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、アポリポ蛋白質ＢメッセンジャーＲＮＡ－編集複合体（ＡＰＯＢＥＣ）ファミリーのデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ１ファミリーのデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、活性化誘導シチジンデアミナーゼ（ＡＩＤ）である。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＣＦ１／ＡＳＥデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、アデノシンデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＤＡＴ系統デアミナーゼである。

【００６３】

本発明の開示のいくつかの側面は、エフェクタードメイン、例えばデアミナーゼおよびウラシルグリコシラーゼ阻害剤（ＵＧＩ）に融合するＣａｓ９蛋白質を含む融合蛋白質を提供する。本開示のいくつかの側面は、ＵＧＩドメインを含まない融合蛋白質と比較し、かかる融合蛋白質では核酸編集効率が増加するという知見に基づくものである。デアミナーゼドメインおよびＵＧＩドメインなどのドメインがこれまで報告されており、本開示の範囲内である。例えば、デアミナーゼドメインおよびＵＧＩドメインなどのドメインは、米国仮特許出願第62/245,828号（2015年10月23日に出願）、米国仮特許出願第62/279,346号（2016年1月15日に出願）、米国仮特許出願第62/311,763号（2016年3月22日に出願）、米国仮特許出願第62/322,178号（2016年4月13日に出願）、米国仮特許出願第62/357,352号（2016年6月30日に出願）、米国仮特許出願第62/370,700号（2016年8月3日に出願）、米国仮特許出願第62/398,490号（2016年9月22日に出願）および米国仮特許出願第62/408,686号（2016年10月14日に出願）に記載され、各々の全開示内容を本明細書において参照により援用する。上記の参照文献に記載されているデアミナーゼドメインおよびＵＧＩドメインを、本発明の開示の範囲内で、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質のいずれかと融合させうることは当然理解されることである。

【００６４】

いくつかの態様において、融合蛋白質のエフェクタードメインは、ヌクレアーゼドメインである。いくつかの態様において、ヌクレアーゼドメインは、ＦｏｋＩ ＤＮＡ切断ドメインである。いくつかの態様において、融合蛋白質は、二量体化する。特定の態様において、融合蛋白質のダイマーは、活性を有する。例えば２つのＦｏｋＩ ＤＮＡ切断ドメインを二量体化させ、核酸を切断させることができる。

【００６５】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、第２のＣａｓ９蛋白質に融合する。いくつかの態様において、第２のＣａｓ９蛋白質は、請求項１～３４５のいずれか一項に記載のＣａｓ９蛋白質である。いくつかの態様において、第２のＣａｓ９蛋白質は、融合蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、第２のＣａｓ９蛋白質は、融合蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質および第２のＣａｓ９蛋白質は、第２のリンカーを介して融合する。いくつかの態様において、第２のリンカーは、（ＧＧＧＧＳ）$_n$（配列番号５）、（Ｇ）$_n$、（ＥＡＡＡＫ）$_n$（配列番号６）、（ＧＧＳ）$_n$、SGSETPGTSESATPES（配列番号７）、または（ＸＰ）$_n$のモチーフまたはこれらのいずれかの組合せを含み、ｎは独立に１～３０の整数である。いくつかの態様において、第２のリンカーは、（ＧＧＳ）$_3$のモチーフを含む。

【００６６】

本開示のいくつかの側面は、本明細書において提供されるＣａｓ９蛋白質またはＣａｓ９融合蛋白質とＣａｓ９蛋白質またはＣａｓ９融合蛋白質に結合したガイドＲＮＡとを含む複合体を提供する。

【００６７】

いくつかの態様において、標的配列は、ＤＮＡの塩基配列である。いくつかの態様にお

いて、標的配列は、哺乳動物のゲノム中の配列である。いくつかの態様において、標的配列は、ヒトのゲノム中の配列である。
いくつかの態様において、標的配列の３’末端は、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していない。
【００６８】
本開示のいくつかの側面は、本明細書において提供されるＣａｓ９蛋白質、融合蛋白質、または複合体を用いる方法を提供する。例えば、本開示のいくつかの側面は、ＤＮＡ分子を（ａ）本明細書において提供されるＣａｓ９蛋白質または融合蛋白質およびガイドＲＮＡと；あるいは（ｂ）本明細書において提供されるｇＲＮＡとのＣａｓ９蛋白質、Ｃａｓ９融合蛋白質、またはＣａｓ９蛋白質もしくは融合蛋白質複合体と接触させることを含む方法を提供し、ガイドＲＮＡは約１５～１００ヌクレオチドの長さであり、標的配列に対して相補的である少なくとも１０個の一続きのヌクレオチドの配列を含む。いくつかの態様において、標的配列の３’末端は、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していない。いくつかの態様において、標的配列の３’末端は、ＡＧＣ、ＧＡＧ、ＴＴＴ、ＧＴＧまたはＣＡＡ配列と直接隣接している。いくつかの態様において、標的ＤＮＡ配列は、疾患または障害に関連する配列を含む。いくつかの態様において、標的ＤＮＡ配列は、疾患または障害に関連する点変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質、Ｃａｓ９融合蛋白質または複合体の活性は、点変異の修正をもたらす。いくつかの態様において、被験者においてインビボで接触させるステップが行われる。
【００６９】
本開示のいくつかの側面は、（ａ）本明細書において提供されるＣａｓ９蛋白質またはＣａｓ９融合蛋白質をコードするヌクレオチド配列と；（ｂ）（ａ）の配列の発現を駆動する異種プロモーターとを含む、核酸コンストラクトを含むキットを提供する。いくつかの態様において、キットは、さらに、ガイドＲＮＡバックボーンをコードする発現コンストラクトを含み、コンストラクトは、ガイドＲＮＡバックボーン中への標的配列と同一または相補的な核酸配列のクローニングを許すように位置したクローニング部位を含む。
【００７０】
本開示のいくつかの側面は、本明細書において提供される、Ｃａｓ９蛋白質、Ｃａｓ９融合蛋白質、またはＣａｓ９蛋白質またはＣａｓ９融合蛋白質に結合したガイドＲＮＡのいずれかをコードするポリヌクレオチドを提供する。本開示のいくつかの側面は、かかるポリヌクレオチドを含むベクターを提供する。いくつかの態様において、ベクターは、ポリヌクレオチドの発現を駆動する異種プロモーターを含む。
【００７１】
本開示のいくつかの側面は、本明細書において提供されるＣａｓ９蛋白質、融合蛋白質、核酸分子、および／またはベクターを含む細胞を提供する。
【００７２】
上の概要は、限定しない様式で、本明細書において開示されるテクノロジーの態様、利点、特徴、および使用のいくつかを例解することを意味されている。本明細書において開示されるテクノロジーの他の態様、利点、特徴、および使用は、発明を実施するための形態、図面、例、および特許請求の範囲から明らかであろう。
【図面の簡単な説明】
【００７３】
【図１】図１は、古典的ＰＡＭライブラリーおよび非古典的ＰＡＭライブラリーに対する野生型(wild-type) Streptococcus pyogenesのＣａｓ９の活性を示す。
【００７４】
【図２】図２は、定方向進化後の、例の進化後Ｃａｓ９クローンのＰＡＭライブラリーに対する活性を示す。
【００７５】
【図３】図３は、哺乳動物のＧＦＰ活性化アッセイにおける、野生型および進化型Ｃａｓ９の比較を示す。

【００７６】
【図４】図４Ａ～４Ｂは、Ｃａｓ９（ｐＪＨ３０６）および５’－ＮＧＧ－３’のＰＡＭ配列を有する進化型Ｃａｓ９蛋白質による、リードアウトとしてのＧＦＰを用いた結合活性を示す。５’－ＮＧＧ－３’のＰＡＭにおいて、進化型Ｃａｓ９蛋白質の多くが、野生型Ｃａｓ９と比較し、ＧＦＰ蛍光シグナルの増加に基づくＣａｓ９結合活性の増加を示した。図４Ａは、バックグラウンドより高い蛍光を示す細胞（パーセント）の関数としての、Ｃａｓ９結合活性を表すグラフである。図４Ｂは、蛍光の平均値の関数としての、Ｃａｓ９結合活性を示すグラフである。これらの実験において使用したＣａｓ９蛋白質は、ＶＰＲ転写アクチベーターに融合するｄＣａｓ９蛋白質である。
【００７７】
【図５】図５Ａ～５Ｂは、野生型ｄＣａｓ９－ＶＰＲ（ｐＪＨ３０６）およびＮＮＮ ＰＡＭ配列を有する進化型ｄＣａｓ９－ＶＰＲ蛋白質の、リードアウトとしてのＧＦＰを用いた結合活性を示す。ＮＮＮ ＰＡＭのライブラリーにおいて、進化型Ｃａｓ９蛋白質の多くが、野生型Ｃａｓ９と比較し、ＧＦＰ蛍光シグナルの増加に基づくＣａｓ９結合活性の増加を示した。図５Ａは、バックグラウンドより高い蛍光を示す細胞（パーセント）の関数としての、Ｃａｓ９結合活性を表すグラフである。図５Ｂは、蛍光の平均値の関数としての、Ｃａｓ９結合活性を示すグラフである。これらの実験において使用したＣａｓ９蛋白質は、ＶＰＲに融合するｄＣａｓ９蛋白質である。
【００７８】
【図６】図６は、ｉＲＦＰ蛍光によりゲート制御されるトランスフェクション細胞における平均蛍光により示される、全６４のＰＡＭ配列に対するｄＣａｓ９－ＶＰＲを示す。野生型(WT)ｄＣａｓ９－ＶＰＲはｐＪＨ３０６である。
【００７９】
【図７】図７は、インビトロ切断アッセイを示す。ゲル上、ＷＴは野生型Ｃａｓ９（配列番号９）であり、１はＥ１２１９Ｖ変異を有するＣａｓ９（配列番号９）である。
【００８０】
【図８】図８は、ＰＡＭ特異性の調節に使用できるＣａｓ９融合蛋白質を示す。非古典的ＰＡＭへのＣａｓ９のターゲティングを増加させるために使用可能であるＣａｓ９－ｄＣａｓ９連結システムのための１つの可能な形状を示す。ｄＣａｓ９による５’－ＮＧＧ－３’または他のＰＡＭへの結合は、標的２付近の領域へＣａｓ９を局在化させることができる。この局在化は、これまでＣａｓ９が近づけなかったＰＡＭの切断を助長しうるものである。
【００８１】
【図９】図９Ａ～９Ｂは、ＮＮＮＮＮ ＰＡＭライブラリーに対するｄＣａｓ９－ＶＰＲ結合活性を示す。図９Ａは、バックグラウンドより高い蛍光を示す細胞（パーセント）の関数としての、ＮＮＮＮＮ ＰＡＭライブラリーに対するｄＣａｓ９－ＶＰＲ結合活性を表すグラフである。図９Ｂは、蛍光の平均値の関数としての、ＮＮＮＮＮ ＰＡＭライブラリーに対するｄＣａｓ９－ＶＰＲ結合活性を表すグラフである。
【００８２】
【図１０】図１０は、リードアウトとしてのＧＦＰ損失を示す細胞（パーセント）を用いた、Ｃａｓ９の切断活性を示す。Ｃａｓ９蛋白質は２つのｓｇＲＮＡで試験し、そこでは古典的５’－ＮＧＧ－３’ＰＡＭまたはＧＦＰ遺伝子中のＧＡＴ ＰＡＭのいずれかを標的とした。
【００８３】
【図１１】図１１は、Ｃａｓ９：ＤＮＡ編集酵素：ｓｇＲＮＡ複合体と結合した二本鎖ＤＮＡ基質を例示する。ＤＮＡ編集酵素は、限定されないが、ヌクレアーゼ、ニッカーゼ、リコンビナーゼ、デアミナーゼ、メチルトランスフェラーゼ、メチラーゼ、アセチラーゼまたはアセチルトランスフェラーゼであってもよい。
【００８４】
【図１２】図１２Ａ～１２Ｄは、ＰＡＭ減少アッセイの結果を示す。ｐＪＨ７６０は４つ

の新規な標的：ｒｅ２（図１２Ａ）、ＶＥＧＦ（図１２Ｂ）、ＣＬＴＡ（図１２Ｃ）およびＣＣＲ５Ｄ（図１２Ｄ）に対するＰＡＭ減少アッセイにおいて試験した。

【００８５】

【図１３】図１３は、哺乳動物細胞におけるＧＦＰ切断を示す。

【００８６】

【図１４】図１４は、ｒｅ２標的に対するｐＪＨ７６０（ｘＣａｓ９ｖ１．０）の作用を試験したＰＡＭ減少アッセイの結果を示す。

【００８７】

【図１５】図１５は、ＶＥＧＦ標的に対するｐＪＨ７６０（ｘＣａｓ９ｖ１．０）の作用を試験したＰＡＭ減少アッセイの結果を示す。

【００８８】

【図１６】図１６は、ＣＬＴＡ標的に対するｐＪＨ７６０（ｘＣａｓ９ｖ１．０）の作用を試験したＰＡＭ減少アッセイの結果を示す。

【００８９】

【図１７】図１７は、ＣＣＲ５Ｄ標的に対するｐＪＨ７６０（ｘＣａｓ９ｖ１．０）の作用を試験したＰＡＭ減少アッセイの結果を示す。

【００９０】

【図１８】図１８は、ｒｅ２標的に対する４つのｘＣａｓ９ｖ３変異体の作用を試験したＰＡＭ減少アッセイの結果を示す。

【００９１】

【図１９】図１９は、ＶＥＧＦ標的に対する４つのｘＣａｓ９ｖ３変異体の作用を試験したＰＡＭ減少アッセイの結果を示す。

【００９２】

【図２０】図２０は、ＣＬＴＡ標的に対する４つのｘＣａｓ９ｖ３変異体の作用を試験したＰＡＭ減少アッセイの結果を示す。

【発明を実施するための形態】

【００９３】

定義

本明細書および請求項において用いられる単数形「a」、「an」、および「the」は、文脈が明瞭に別様に示さない限り、単数および複数の参照を包含する。それゆえに、例えば、「物質」の参照は単一の物質および複数のかかる物質を包含する。

【００９４】

用語「Ｃａｓ９」または「Ｃａｓ９ヌクレアーゼ」は、Ｃａｓ９蛋白質またはその断片（例えば、Ｃａｓ９の活性型、もしくは不活性型のＤＮＡ切断ドメインおよび／またはＣａｓ９のｇＲＮＡ結合ドメインを含む蛋白質）を含むＲＮＡ誘導型ヌクレアーゼを言う。Ｃａｓ９ヌクレアーゼは、場合によってはｃａｓｎ１ヌクレアーゼまたはＣＲＩＳＰＲ（Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeat）関連ヌクレアーゼともまた言われる。ＣＲＩＳＰＲは適応免疫システムであり、これは可動性遺伝子エレメント（ウイルス、転移エレメント、および接合型プラスミド）に対する防御を提供する。ＣＲＩＳＰＲクラスターは、祖先由来の可動性エレメントおよび標的侵入核酸に対して相補的な配列、スペーサーを含有する。ＣＲＩＳＰＲクラスターは転写およびプロセシングされ、ＣＲＩＳＰＲ ＲＮＡ（ｃｒＲＮＡ）になる。ＩＩ型ＣＲＩＳＰＲシステムにおいては、ｐｒｅ－ｃｒＲＮＡの正しいプロセシングは、trans-encoded small RNA（ｔｒａｃｒＲＮＡ）、内在性リボヌクレアーゼ３（ｒｎｃ）、およびＣａｓ９蛋白質を要求する。ｔｒａｃｒＲＮＡは、ｐｒｅ－ｃｒＲＮＡのリボヌクレアーゼ３によって支援されるプロセシングのガイドとしての用をなす。爾後に、Ｃａｓ９／ｃｒＲＮＡ／ｔｒａｃｒＲＮＡはスペーサーに対して相補的な直鎖状または環状ｄｓＤＮＡ標的をエンド的に切断する。ｃｒＲＮＡに対して相補的でない標的鎖は、第１にエンド的に切られ、それから３’－５’エキソ的にトリミングされる。天然において、ＤＮＡ結合および切断は典型的には蛋白質および両方のＲＮＡを要求する。しかしながら、シングルガイドＲＮＡ（「ｓｇＲＮＡ」

または単純に「ｇＮＲＡ」）が、ｃｒＲＮＡおよびｔｒａｃｒＲＮＡ両方の側面を単一のＲＮＡ種に組み込むように操作され得る。例えば、Jinek M., Chylinski K., Fonfara I, Hauer M., Doudna J. A., Charpentier E. Science 337:816-821(2012)を参照。その内容全体は参照によってここで組み込まれる。Ｃａｓ９はＣＲＩＳＰＲリピート配列中の短いモチーフ（ＰＡＭまたはプロトスペーサー隣接モチーフ）を認識して、自己を非自己から見分けることを助ける。Ｃａｓ９ヌクレアーゼ配列および構造は当業者に周知である（例えば、"Complete genome sequence of an M1 strain of Streptococcus pyogenes." Ferretti et al., J.J., McShan W.M., Ajdic D.J., Savic D.J., Savic G., Lyon K., Primeaux C, Sezate S., Suvorov A.N., Kenton S., Lai H.S., Lin S.P., Qian Y., Jia H.G., Najar F.Z., Ren Q., Zhu H., Song L., White J., Yuan X., Clifton S.W., Roe B.A., McLaughlin R.E., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 98:4658-4663(2001)；"CRISPR RNA maturation by trans-encoded small RNA and host factor RNase III." Deltcheva E., Chylinski K., Sharma CM., Gonzales K., Chao Y., Pirzada Z. A., Eckert M.R., Vogel J., Charpentier E., Nature 471:602-607(2011)；および"A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity." Jinek M., Chylinski K., Fonfara I, Hauer M., Doudna J. A., Charpentier E. Science 337:816-821(2012)を参照。そのそれぞれの内容全体は参照によって本明細書に組み込まれる）。Ｃａｓ９オーソログは種々の種について記載されており、S. pyogenesおよびS. thermophilusを包含するが、これに限定されない。追加の好適なＣａｓ９ヌクレアーゼおよび配列は、本開示に基づいて当業者には明らかであろう。かかるＣａｓ９ヌクレアーゼおよび配列は、Chylinski, Rhun, and Charpentier, "The tracrRNA and Cas9 families of type II CRISPR-Cas immunity systems" (2013) RNA Biology 10:5, 726-737に開示されている生物およびローカスからのＣａｓ９配列を包含し、その内容全体は参照によって本明細書に組み込まれる。いくつかの態様において、Ｃａｓ９ヌクレアーゼは不活性型（例えば不活性化型）ＤＮＡ切断ドメインを有する。

【００９５】

ヌクレアーゼ不活性化型Ｃａｓ９蛋白質は、交換可能に「ｄＣａｓ９」蛋白質（ヌクレアーゼ「不活性」なＣａｓ９）と言われ得る。不活性型ＤＮＡ切断ドメインを有するＣａｓ９を生成するための方法は公知である（例えば、Jinek et al., Science. 337:816-821(2012)；Qi et al., "Repurposing CRISPR as an RNA-Guided Platform for Sequence-Specific Control of Gene Expression" (2013) Cell. 28; 152(5): 1173-83を参照。そのそれぞれの内容全体は参照によって本明細書に組み込まれる）。例えば、Ｃａｓ９のＤＮＡ切断ドメインは、２つのサブドメイン、ＨＮＨヌクレアーゼサブドメインおよびＲｕｖＣ１サブドメインを包含することが公知である。ＨＮＨサブドメインはｇＲＮＡに対して相補的な鎖を切断するのに対して、ＲｕｖＣ１サブドメインは非相補鎖を切断する。これらのサブドメイン内の変異は、Ｃａｓ９のヌクレアーゼ活性を抑制し得る。例えば、変異Ｄ１０ＡおよびＨ８４０AはS. pyogenes Ｃａｓ９のヌクレアーゼ活性を完全に不活性化する（Jinek et al., Science. 337:816-821(2012)；Qi et al., Cell. 28; 152(5): 1173-83 (2013)）。

【００９６】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９の断片を含む蛋白質が提供される。例えば、いくつかの態様において、蛋白質は、２つのＣａｓ９ドメイン：（１）Ｃａｓ９のｇＲＮＡ結合ドメイン、または（２）Ｃａｓ９のＤＮＡ切断ドメイン、のうちの１つを含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９を含む蛋白質またはその断片は、「Ｃａｓ９変異体」と呼ばれる。Ｃａｓ９変異体は、Ｃａｓ９とのホモロジーを共有する。例えば、Ｃａｓ９変異体は、野生型Ｃａｓ９に対して、少なくとも約７０パーセント同一であるか、少なくとも約８０パーセント同一であるか、少なくとも約９０パーセント同一であるか、少なくとも約９５パーセント同一であるか、少なくとも約９６パーセント同一であるか、少なくとも約９７パーセント同一であるか、少なくとも約９８パーセント同一であるか、少なくとも約９９パーセント同一であるか、少なくとも約９９．５パーセント同一であるか、または少な

くとも約９９．９パーセント同一である。いくつかの態様において、Ｃａｓ９バリアントはＣａｓ９の断片（例えば、ｇＲＮＡ結合ドメインまたはＤＮＡ切断ドメイン）を含み、断片は、野生型Ｃａｓ９の対応する断片と少なくとも約７０％同一、少なくとも約８０％同一、少なくとも約９０％同一、少なくとも約９５％同一、少なくとも約９６％同一、少なくとも約９７％同一、少なくとも約９８％同一、少なくとも約９９％同一、少なくとも約９９．５％同一、または少なくとも約９９．９％同一である。いくつかの態様において、断片は、対応する野生型Ｃａｓ９のアミノ酸長の少なくとも３０％、少なくとも３５％、少なくとも４０％、少なくとも４５％、少なくとも５０％、少なくとも５５％、少なくとも６０％、少なくとも６５％、少なくとも７０％、少なくとも７５％、少なくとも８０％、少なくとも８５％、少なくとも９０％、少なくとも９５％同一、少なくとも９６％、少なくとも９７％、少なくとも９８％、少なくとも９９％、または少なくとも９９．５％である。いくつかの態様において、野生型Ｃａｓ９は、Streptococcus pyogenes由来のＣａｓ９に対応する（NCBI参照配列：NC_017053.1、配列番号１（ヌクレオチド）；配列番号２（アミノ酸））。

ATGGATAAGAAATACTCAATAGGCTTAGATATCGGCACAAATAGCGTCGGATGGGCGGT
GATCACTGATGATTATAAGGTTCCGTCTAAAAAGTTCAAGGTTCTGGGAAATACAGACC
GCCACAGTATCAAAAAAAATCTTATAGGGGCTCTTTTATTTGGCAGTGGAGAGACAGCG
GAAGCGACTCGTCTCAAACGGACAGCTCGTAGAAGGTATACACGTCGGAAGAATCGTAT
TTGTTATCTACAGGAGATTTTTTCAAATGAGATGGCGAAAGTAGATGATAGTTTCTTTC
ATCGACTTGAAGAGTCTTTTTTGGTGGAAGAAGACAAGAAGCATGAACGTCATCCTATT
TTTGGAAATATAGTAGATGAAGTTGCTTATCATGAGAAATATCCAACTATCTATCATCT
GCGAAAAAAATTGGCAGATTCTACTGATAAAGCGGATTTGCGCTTAATCTATTTGGCCT
TAGCGCATATGATTAAGTTTCGTGGTCATTTTTTGATTGAGGGAGATTTAAATCCTGAT
AATAGTGATGTGGACAAACTATTTATCCAGTTGGTACAAATCTACAATCAATTATTTGA
AGAAAACCCTATTAACGCAAGTAGAGTAGATGCTAAAGCGATTCTTTCTGCACGATTGA
GTAAATCAAGACGATTAGAAAATCTCATTGCTCAGCTCCCCGGTGAGAAGAGAAATGGC
TTGTTTGGGAATCTCATTGCTTTGTCATTGGGATTGACCCCTAATTTTAAATCAAATTTT
GATTTGGCAGAAGATGCTAAATTACAGCTTTCAAAAGATACTTACGATGATGATTTAGA
TAATTTATTGGCGCAAATTGGAGATCAATATGCTGATTTGTTTTTGGCAGCTAAGAATT
TATCAGATGCTATTTTACTTTCAGATATCCTAAGAGTAAATAGTGAAATAACTAAGGCT
CCCCTATCAGCTTCAATGATTAAGCGCTACGATGAACATCATCAAGACTTGACTCTTTT
AAAAGCTTTAGTTCGACAACAACTTCCAGAAAAGTATAAAGAAATCTTTTTTGATCAAT
CAAAAAACGGATATGCAGGTTATATTGATGGGGGAGCTAGCCAAGAAGAATTTTATAAA
TTTATCAAACCAATTTTAGAAAAAATGGATGGTACTGAGGAATTATTGGTGAAACTAAA
TCGTGAAGATTTGCTGCGCAAGCAACGGACCTTTGACAACGGCTCTATTCCCCATCAAA
TTCACTTGGGTGAGCTGCATGCTATTTTGAGAAGACAAGAAGACTTTTATCCATTTTTA
AAAGACAATCGTGAGAAGATTGAAAAAATCTTGACTTTTCGAATTCCTTATTATGTTGG
TCCATTGGCGCGTGGCAATAGTCGTTTTGCATGGATGACTCGGAAGTCTGAAGAAACAA
TTACCCCATGGAATTTTGAAGAAGTTGTCGATAAAGGTGCTTCAGCTCAATCATTTATT
GAACGCATGACAAACTTTGATAAAAATCTTCCAAATGAAAAAGTACTACCAAAACATAG
TTTGCTTTATGAGTATTTTACGGTTTATAACGAATTGACAAAGGTCAAATATGTTACTG
AGGGAATGCGAAAACCAGCATTTCTTTCAGGTGAACAGAAGAAAGCCATTGTTGATTTA
CTCTTCAAAACAAATCGAAAAGTAACCGTTAAGCAATTAAAAGAAGATTATTTCAAAAA
AATAGAATGTTTTGATAGTGTTGAAATTTCAGGAGTTGAAGATAGATTTAATGCTTCAT
TAGGCGCCTACCATGATTTGCTAAAAATTATTAAAGATAAAGATTTTTTGGATAATGAA
GAAAATGAAGATATCTTAGAGGATATTGTTTTAACATTGACCTTATTTGAAGATAGGGG
GATGATTGAGGAAAGACTTAAAACATATGCTCACCTCTTTGATGATAAGGTGATGAAAC
AGCTTAAACGTCGCCGTTATACTGGTTGGGGACGTTTGTCTCGAAAATTGATTAATGGT
ATTAGGGATAAGCAATCTGGCAAAACAATATTAGATTTTTTGAAATCAGATGGTTTTGC
CAATCGCAATTTTATGCAGCTGATCCATGATGATAGTTTGACATTTAAAGAAGATATTC

AAAAAGCACAGGTGTCTGGACAAGGCCATAGTTTACATGAACAGATTGCTAACTTAGCT
GGCAGTCCTGCTATTAAAAAAGGTATTTTACAGACTGTAAAAATTGTTGATGAACTGGT
CAAAGTAATGGGGCATAAGCCAGAAAATATCGTTATTGAAATGGCACGTGAAAATCAGA
CAACTCAAAAGGGCCAGAAAAATTCGCGAGAGCGTATGAAACGAATCGAAGAAGGTATC
AAAGAATTAGGAAGTCAGATTCTTAAAGAGCATCCTGTTGAAAATACTCAATTGCAAAA
TGAAAAGCTCTATCTCTATTATCTACAAAATGGAAGAGACATGTATGTGGACCAAGAAT
TAGATATTAATCGTTTAAGTGATTATGATGTCGATCACATTGTTCCACAAAGTTTCATT
AAAGACGATTCAATAGACAATAAGGTACTAACGCGTTCTGATAAAAATCGTGGTAAATC
GGATAACGTTCCAAGTGAAGAAGTAGTCAAAAAGATGAAAAACTATTGGAGACAACTTC
TAAACGCCAAGTTAATCACTCAACGTAAGTTTGATAATTTAACGAAAGCTGAACGTGGA
GGTTTGAGTGAACTTGATAAAGCTGGTTTTATCAAACGCCAATTGGTTGAAACTCGCCA
AATCACTAAGCATGTGGCACAAATTTTGGATAGTCGCATGAATACTAAATACGATGAAA
ATGATAAACTTATTCGAGAGGTTAAAGTGATTACCTTAAAATCTAAATTAGTTTCTGAC
TTCCGAAAAGATTTCCAATTCTATAAAGTACGTGAGATTAACAATTACCATCATGCCCA
TGATGCGTATCTAAATGCCGTCGTTGGAACTGCTTTGATTAAGAAATATCCAAAACTTG
AATCGGAGTTTGTCTATGGTGATTATAAAGTTTATGATGTTCGTAAAATGATTGCTAAG
TCTGAGCAAGAAATAGGCAAAGCAACCGCAAAATATTTCTTTTACTCTAATATCATGAA
CTTCTTCAAAACAGAAATTACACTTGCAAATGGAGAGATTCGCAAACGCCCTCTAATCG
AAACTAATGGGGAAACTGGAGAAATTGTCTGGGATAAAGGGCGAGATTTTGCCACAGTG
CGCAAAGTATTGTCCATGCCCCAAGTCAATATTGTCAAGAAAACAGAAGTACAGACAGG
CGGATTCTCCAAGGAGTCAATTTTACCAAAAAGAAATTCGGACAAGCTTATTGCTCGTA
AAAAAGACTGGGATCCAAAAAAATATGGTGGTTTTGATAGTCCAACGGTAGCTTATTCA
GTCCTAGTGGTTGCTAAGGTGGAAAAAGGGAAATCGAAGAAGTTAAAATCCGTTAAAGA
GTTACTAGGGATCACAATTATGGAAAGAAGTTCCTTTGAAAAAAATCCGATTGACTTTT
TAGAAGCTAAAGGATATAAGGAAGTTAAAAAAGACTTAATCATTAAACTACCTAAATAT
AGTCTTTTTGAGTTAGAAAACGGTCGTAAACGGATGCTGGCTAGTGCCGGAGAATTACA
AAAAGGAAATGAGCTGGCTCTGCCAAGCAAATATGTGAATTTTTTATATTTAGCTAGTC
ATTATGAAAAGTTGAAGGGTAGTCCAGAAGATAACGAACAAAAACAATTGTTTGTGGAG
CAGCATAAGCATTATTTAGATGAGATTATTGAGCAAATCAGTGAATTTTCTAAGCGTGT
TATTTTAGCAGATGCCAATTTAGATAAAGTTCTTAGTGCATATAACAAACATAGAGACA
AACCAATACGTGAACAAGCAGAAAATATTATTCATTTATTTACGTTGACGAATCTTGGA
GCTCCCGCTGCTTTTAAATATTTTGATACAACAATTGATCGTAAACGATATACGTCTAC
AAAAGAAGTTTTAGATGCCACTCTTATCCATCAATCCATCACTGGTCTTTATGAAACAC
GCATTGATTTGAGTCAGCTAGGAGGTGACTGA（配列番号１）

【数１】

MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFGSGETAEATRLKRTARRRYTRR
KNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLADSTDKAD
LRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQIYNQLFEENPINASRVDAKAILSARLSKSRRLENL
IAQLPGEKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAI
LLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKF
IKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPY
YVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELT
KVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGAYHDLLKI
IKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDRGMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGHSLHEQIANLAGSPAIKKGILQTVKIVDELVKV
MGHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQ
ELDINRLSDYDVDHIVPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLT
KAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVR
EINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEIT
LANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDW
DPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKY
SLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEF
SKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQS
ITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号２）（一重下線：ＨＮＨドメイン；二重下線：ＲｕｖＣドメイン）

【００９７】

いくつかの態様において、野生型Ｃａｓ９は、配列番号３（ヌクレオチド）および／または配列番号４（アミノ酸）に対応するか、またはそれ（ら）を含む：

ATGGATAAAAAGTATTCTATTGGTTTAGACATCGGCACTAATTCCGTTGGATGGGCTGT
CATAACCGATGAATACAAAGTACCTTCAAAGAAATTTAAGGTGTTGGGGAACACAGACC
GTCATTCGATTAAAAAGAATCTTATCGGTGCCCTCCTATTCGATAGTGGCGAAACGGCA
GAGGCGACTCGCCTGAAACGAACCGCTCGGAGAAGGTATACACGTCGCAAGAACCGAAT
ATGTTACTTACAAGAAATTTTTAGCAATGAGATGGCCAAAGTTGACGATTCTTTCTTTC
ACCGTTTGGAAGAGTCCTTCCTTGTCGAAGAGGACAAGAAACATGAACGGCACCCCATC
TTTGGAAACATAGTAGATGAGGTGGCATATCATGAAAAGTACCCAACGATTTATCACCT
CAGAAAAAAGCTAGTTGACTCAACTGATAAAGCGGACCTGAGGTTAATCTACTTGGCTC
TTGCCCATATGATAAAGTTCCGTGGGCACTTTCTCATTGAGGGTGATCTAAATCCGGAC
AACTCGGATGTCGACAAACTGTTCATCCAGTTAGTACAAACCTATAATCAGTTGTTTGA
AGAGAACCCTATAAATGCAAGTGGCGTGGATGCGAAGGCTATTCTTAGCGCCCGCCTCT
CTAAATCCCGACGGCTAGAAAACCTGATCGCACAATTACCCGGAGAGAAGAAAAATGGG
TTGTTCGGTAACCTTATAGCGCTCTCACTAGGCCTGACACCAAATTTTAAGTCGAACTT
CGACTTAGCTGAAGATGCCAAATTGCAGCTTAGTAAGGACACGTACGATGACGATCTCG
ACAATCTACTGGCACAAATTGGAGATCAGTATGCGGACTTATTTTTGGCTGCCAAAAAC
CTTAGCGATGCAATCCTCCTATCTGACATACTGAGAGTTAATACTGAGATTACCAAGGC
GCCGTTATCCGCTTCAATGATCAAAAGGTACGATGAACATCACCAAGACTTGACACTTC
TCAAGGCCCTAGTCCGTCAGCAACTGCCTGAGAAATATAAGGAAATATTCTTTGATCAG
TCGAAAAACGGGTACGCAGGTTATATTGACGGCGGAGCGAGTCAAGAGGAATTCTACAA
GTTTATCAAACCCATATTAGAGAAGATGGATGGGACGGAAGAGTTGCTTGTAAAACTCA
ATCGCGAAGATCTACTGCGAAAGCAGCGGACTTTCGACAACGGTAGCATTCCACATCAA
ATCCACTTAGGCGAATTGCATGCTATACTTAGAAGGCAGGAGGATTTTTATCCGTTCCT
CAAAGACAATCGTGAAAAGATTGAGAAAATCCTAACCTTTCGCATACCTTACTATGTGG
GACCCCTGGCCCGAGGGAACTCTCGGTTCGCATGGATGACAAGAAAGTCCGAAGAAACG
ATTACTCCATGGAATTTTGAGGAAGTTGTCGATAAAGGTGCGTCAGCTCAATCGTTCAT
CGAGAGGATGACCAACTTTGACAAGAATTTACCGAACGAAAAAGTATTGCCTAAGCACA
GTTTACTTTACGAGTATTTCACAGTGTACAATGAACTCACGAAAGTTAAGTATGTCACT
GAGGGCATGCGTAAACCCGCCTTTCTAAGCGGAGAACAGAAGAAAGCAATAGTAGATCT
GTTATTCAAGACCAACCGCAAAGTGACAGTTAAGCAATTGAAAGAGGACTACTTTAAGA
AAATTGAATGCTTCGATTCTGTCGAGATCTCCGGGGTAGAAGATCGATTTAATGCGTCA
CTTGGTACGTATCATGACCTCCTAAAGATAATTAAAGATAAGGACTTCCTGGATAACGA
AGAGAATGAAGATATCTTAGAAGATATAGTGTTGACTCTTACCCTCTTTGAAGATCGGG
AAATGATTGAGGAAAGACTAAAAACATACGCTCACCTGTTCGACGATAAGGTTATGAAA
CAGTTAAAGAGGCGTCGCTATACGGGCTGGGGACGATTGTCGCGGAAACTTATCAACGG
GATAAGAGACAAGCAAAGTGGTAAAACTATTCTCGATTTTCTAAAGAGCGACGGCTTCG
CCAATAGGAACTTTATGCAGCTGATCCATGATGACTCTTTAACCTTCAAAGAGGATATA
CAAAAGGCACAGGTTTCCGGACAAGGGGACTCATTGCACGAACATATTGCGAATCTTGC
TGGTTCGCCAGCCATCAAAAAGGGCATACTCCAGACAGTCAAAGTAGTGGATGAGCTAG
TTAAGGTCATGGGACGTCACAAACCGGAAAACATTGTAATCGAGATGGCACGCGAAAAT
CAAACGACTCAGAAGGGGCAAAAAAACAGTCGAGAGCGGATGAAGAGAATAGAAGAGG
GTATTAAAGAACTGGGCAGCCAGATCTTAAAGGAGCATCCTGTGGAAAATACCCAATTG
CAGAACGAGAAACTTTACCTCTATTACCTACAAAATGGAAGGGACATGTATGTTGATCA
GGAACTGGACATAAACCGTTTATCTGATTACGACGTCGATCACATTGTACCCCAATCCT
TTTTGAAGGACGATTCAATCGACAATAAAGTGCTTACACGCTCGGATAAGAACCGAGGG
AAAAGTGACAATGTTCCAAGCGAGGAAGTCGTAAAGAAAATGAAGAACTATTGGCGGCA
GCTCCTAAATGCGAAACTGATAACGCAAAGAAAGTTCGATAACTTAACTAAAGCTGAGA

GGGGTGGCTTGTCTGAACTTGACAAGGCCGGATTTATTAAACGTCAGCTCGTGGAAACC
CGCCAAATCACAAAGCATGTTGCACAGATACTAGATTCCCGAATGAATACGAAATACGA
CGAGAACGATAAGCTGATTCGGGAAGTCAAAGTAATCACTTTAAAGTCAAAATTGGTGT
CGGACTTCAGAAAGGATTTTCAATTCTATAAAGTTAGGGAGATAAATAACTACCACCAT
GCGCACGACGCTTATCTTAATGCCGTCGTAGGGACCGCACTCATTAAGAAATACCCGAA
GCTAGAAAGTGAGTTTGTGTATGGTGATTACAAAGTTTATGACGTCCGTAAGATGATCG
CGAAAAGCGAACAGGAGATAGGCAAGGCTACAGCCAAATACTTCTTTTATTCTAACATT
ATGAATTTCTTTAAGACGGAAATCACTCTGGCAAACGGAGAGATACGCAAACGACCTTT
AATTGAAACCAATGGGGAGACAGGTGAAATCGTATGGGATAAGGGCCGGGACTTCGCGA
CGGTGAGAAAAGTTTTGTCCATGCCCCAAGTCAACATAGTAAAGAAAACTGAGGTGCAG
ACCGGAGGGTTTTCAAAGGAATCGATTCTTCCAAAAAGGAATAGTGATAAGCTCATCGC
TCGTAAAAAGGACTGGGACCCGAAAAAGTACGGTGGCTTCGATAGCCCTACAGTTGCCT
ATTCTGTCCTAGTAGTGGCAAAAGTTGAGAAGGGAAAATCCAAGAAACTGAAGTCAGTC
AAAGAATTATTGGGGATAACGATTATGGAGCGCTCGTCTTTTGAAAAGAACCCCATCGA
CTTCCTTGAGGCGAAAGGTTACAAGGAAGTAAAAAAGGATCTCATAATTAAACTACCAA
AGTATAGTCTGTTTGAGTTAGAAAATGGCCGAAAACGGATGTTGGCTAGCGCCGGAGAG
CTTCAAAAGGGGAACGAACTCGCACTACCGTCTAAATACGTGAATTTCCTGTATTTAGC
GTCCCATTACGAGAAGTTGAAAGGTTCACCTGAAGATAACGAACAGAAGCAACTTTTTG
TTGAGCAGCACAAACATTATCTCGACGAAATCATAGAGCAAATTTCGGAATTCAGTAAG
AGAGTCATCCTAGCTGATGCCAATCTGGACAAAGTATTAAGCGCATACAACAAGCACAG
GGATAAACCCATACGTGAGCAGGCGGAAAATATTATCCATTTGTTTACTCTTACCAACC
TCGGCGCTCCAGCCGCATTCAAGTATTTTGACACAACGATAGATCGCAAACGATACACT
TCTACCAAGGAGGTGCTAGACGCGACACTGATTCACCAATCCATCACGGGATTATATGA
AACTCGGATAGATTTGTCACAGCTTGGGGGTGACGGATCCCCCAAGAAGAAGAGGAAAG
TCTCGAGCGACTACAAAGACCATGACGGTGATTATAAAGATCATGACATCGATTACAAG
GATGACGATGACAAGGCTGCAGGA（配列番号３）

【数２】

MDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRR
KNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKAD
LRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENL
IAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAI
LLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKF
IKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPY
YVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELT
KVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKI
IKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKV
MGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVD
QELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNL
TKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKV
REINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEI
TLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKD
WDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPK
YSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISE
FSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQ
SITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号４）（一重下線：ＨＮＨドメイン；二重下線：ＲｕｖＣドメイン）

【００９８】

いくつかの態様において、野生型Ｃａｓ９は、Streptococcus pyogenes由来のＣａｓ９に対応する（NCBI参照配列：NC_002737.2、配列番号２８２（ヌクレオチド）；およびUniport参照配列：Q99ZW2、配列番号９（アミノ酸）。

ATGGATAAGAAATACTCAATAGGCTTAGATATCGGCACAAATAGCGTCGGATGGGCGGT

GATCACTGATGAATATAAGGTTCCGTCTAAAAAGTTCAAGGTTCTGGGAAATACAGACC
GCCACAGTATCAAAAAAAATCTTATAGGGGCTCTTTTATTTGACAGTGGAGAGACAGCG
GAAGCGACTCGTCTCAAACGGACAGCTCGTAGAAGGTATACACGTCGGAAGAATCGTAT
TTGTTATCTACAGGAGATTTTTTCAAATGAGATGGCGAAAGTAGATGATAGTTTCTTTC
ATCGACTTGAAGAGTCTTTTTTGGTGGAAGAAGACAAGAAGCATGAACGTCATCCTATT
TTTGGAAATATAGTAGATGAAGTTGCTTATCATGAGAAATATCCAACTATCTATCATCT
GCGAAAAAAATTGGTAGATTCTACTGATAAAGCGGATTTGCGCTTAATCTATTTGGCCT
TAGCGCATATGATTAAGTTTCGTGGTCATTTTTTGATTGAGGGAGATTTAAATCCTGAT
AATAGTGATGTGGACAAACTATTTATCCAGTTGGTACAAACCTACAATCAATTATTTGA
AGAAAACCCTATTAACGCAAGTGGAGTAGATGCTAAAGCGATTCTTTCTGCACGATTGA
GTAAATCAAGACGATTAGAAAATCTCATTGCTCAGCTCCCCGGTGAGAAGAAAAATGGC
TTATTTGGGAATCTCATTGCTTTGTCATTGGGTTTGACCCCTAATTTTAAATCAAATTTT
GATTTGGCAGAAGATGCTAAATTACAGCTTTCAAAAGATACTTACGATGATGATTTAGA
TAATTTATTGGCGCAAATTGGAGATCAATATGCTGATTTGTTTTTGGCAGCTAAGAATT
TATCAGATGCTATTTTACTTTCAGATATCCTAAGAGTAAATACTGAAATAACTAAGGCT
CCCCTATCAGCTTCAATGATTAAACGCTACGATGAACATCATCAAGACTTGACTCTTTT
AAAAGCTTTAGTTCGACAACAACTTCCAGAAAAGTATAAAGAAATCTTTTTTGATCAAT
CAAAAAACGGATATGCAGGTTATATTGATGGGGGAGCTAGCCAAGAAGAATTTTATAAA
TTTATCAAACCAATTTTAGAAAAAATGGATGGTACTGAGGAATTATTGGTGAAACTAAA
TCGTGAAGATTTGCTGCGCAAGCAACGGACCTTTGACAACGGCTCTATTCCCCATCAAA
TTCACTTGGGTGAGCTGCATGCTATTTTGAGAAGACAAGAAGACTTTTATCCATTTTTA
AAAGACAATCGTGAGAAGATTGAAAAAATCTTGACTTTTCGAATTCCTTATTATGTTGG
TCCATTGGCGCGTGGCAATAGTCGTTTTGCATGGATGACTCGGAAGTCTGAAGAAACAA
TTACCCCATGGAATTTTGAAGAAGTTGTCGATAAAGGTGCTTCAGCTCAATCATTTATT
GAACGCATGACAAACTTTGATAAAAATCTTCCAAATGAAAAAGTACTACCAAAACATAG
TTTGCTTTATGAGTATTTTACGGTTTATAACGAATTGACAAAGGTCAAATATGTTACTG
AAGGAATGCGAAAACCAGCATTTCTTTCAGGTGAACAGAAGAAAGCCATTGTTGATTTA
CTCTTCAAAACAAATCGAAAAGTAACCGTTAAGCAATTAAAAGAAGATTATTTCAAAAA
AATAGAATGTTTTGATAGTGTTGAAATTTCAGGAGTTGAAGATAGATTTAATGCTTCAT
TAGGTACCTACCATGATTTGCTAAAAATTATTAAAGATAAAGATTTTTTGGATAATGAA
GAAAATGAAGATATCTTAGAGGATATTGTTTTAACATTGACCTTATTTGAAGATAGGGA
GATGATTGAGGAAAGACTTAAAACATATGCTCACCTCTTTGATGATAAGGTGATGAAAC
AGCTTAAACGTCGCCGTTATACTGGTTGGGGACGTTTGTCTCGAAAATTGATTAATGGT
ATTAGGGATAAGCAATCTGGCAAAACAATATTAGATTTTTTGAAATCAGATGGTTTTGC
CAATCGCAATTTTATGCAGCTGATCCATGATGATAGTTTGACATTTAAAGAAGACATTC
AAAAAGCACAAGTGTCTGGACAAGGCGATAGTTTACATGAACATATTGCAAATTTAGCT
GGTAGCCCTGCTATTAAAAAAGGTATTTTACAGACTGTAAAAGTTGTTGATGAATTGGT
CAAAGTAATGGGGCGGCATAAGCCAGAAAATATCGTTATTGAAATGGCACGTGAAAATC
AGACAACTCAAAAGGGCCAGAAAAATTCGCGAGAGCGTATGAAACGAATCGAAGAAGGT
ATCAAAGAATTAGGAAGTCAGATTCTTAAAGAGCATCCTGTTGAAAATACTCAATTGCA
AAATGAAAAGCTCTATCTCTATTATCTCCAAAATGGAAGAGACATGTATGTGGACCAAG
AATTAGATATTAATCGTTTAAGTGATTATGATGTCGATCACATTGTTCCACAAAGTTTC
CTTAAAGACGATTCAATAGACAATAAGGTCTTAACGCGTTCTGATAAAAATCGTGGTAA
ATCGGATAACGTTCCAAGTGAAGAAGTAGTCAAAAAGATGAAAAACTATTGGAGACAAC
TTCTAAACGCCAAGTTAATCACTCAACGTAAGTTTGATAATTTAACGAAAGCTGAACGT
GGAGGTTTGAGTGAACTTGATAAAGCTGGTTTTATCAAACGCCAATTGGTTGAAACTCG
CCAAATCACTAAGCATGTGGCACAAATTTTGGATAGTCGCATGAATACTAAATACGATG
AAAATGATAAACTTATTCGAGAGGTTAAAGTGATTACCTTAAAATCTAAATTAGTTTCT
GACTTCCGAAAAGATTTCCAATTCTATAAAGTACGTGAGATTAACAATTACCATCATGC
CCATGATGCGTATCTAAATGCCGTCGTTGGAACTGCTTTGATTAAGAAATATCCAAAAC

TTGAATCGGAGTTTGTCTATGGTGATTATAAAGTTTATGATGTTCGTAAAATGATTGCT
AAGTCTGAGCAAGAAATAGGCAAAGCAACCGCAAAATATTTCTTTTACTCTAATATCAT
GAACTTCTTCAAAACAGAAATTACACTTGCAAATGGAGAGATTCGCAAACGCCCTCTAA
TCGAAACTAATGGGGAAACTGGAGAAATTGTCTGGGATAAAGGGCGAGATTTTGCCACA
GTGCGCAAAGTATTGTCCATGCCCCAAGTCAATATTGTCAAGAAAACAGAAGTACAGAC
AGGCGGATTCTCCAAGGAGTCAATTTTACCAAAAAGAAATTCGGACAAGCTTATTGCTC
GTAAAAAAGACTGGGATCCAAAAAAATATGGTGGTTTTGATAGTCCAACGGTAGCTTAT
TCAGTCCTAGTGGTTGCTAAGGTGGAAAAAGGGAAATCGAAGAAGTTAAAATCCGTTAA
AGAGTTACTAGGGATCACAATTATGGAAAGAAGTTCCTTTGAAAAAAATCCGATTGACT
TTTTAGAAGCTAAAGGATATAAGGAAGTTAAAAAAGACTTAATCATTAAACTACCTAAA
TATAGTCTTTTTGAGTTAGAAAACGGTCGTAAACGGATGCTGGCTAGTGCCGGAGAATT
ACAAAAAGGAAATGAGCTGGCTCTGCCAAGCAAATATGTGAATTTTTTATATTTAGCTA
GTCATTATGAAAAGTTGAAGGGTAGTCCAGAAGATAACGAACAAAAACAATTGTTTGTG
GAGCAGCATAAGCATTATTTAGATGAGATTATTGAGCAAATCAGTGAATTTTCTAAGCG
TGTTATTTTAGCAGATGCCAATTTAGATAAAGTTCTTAGTGCATATAACAAACATAGAG
ACAAACCAATACGTGAACAAGCAGAAAATATTATTCATTTATTTACGTTGACGAATCTT
GGAGCTCCCGCTGCTTTTAAATATTTTGATACAACAATTGATCGTAAACGATATACGTC
TACAAAAGAAGTTTTAGATGCCACTCTTATCCATCAATCCATCACTGGTCTTTATGAAA
CACGCATTGATTTGAGTCAGCTAGGAGGTGACTGA（配列番号２８２）

【数３－１】

MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRR
KNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKAD
LRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENL
IAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAI
LLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKF
IKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPY
YVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELT
KVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKI
IKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKV

【数３－２】

MGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVD
QELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNL
TKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKV
REINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEI
TLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKD
WDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPK
YSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISE
FSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQ
SITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号９）（一重下線：ＨＮＨドメイン；二重下線：ＲｕｖＣドメイン）

【００９９】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９は、Corynebacterium ulcerans（NCBI Refs：NC_015683.1、NC_017317.1）；Corynebacterium diphtheria（NCBI Refs：NC_016782.1、NC_016786.1）；Spiroplasma syrphidicola（NCBI Ref：NC_021284.1）；Prevotella intermedia（NCBI Ref：NC_017861.1）；Spiroplasma taiwanense（NCBI Ref：NC_021846.1）；Streptococcus iniae（NCBI Ref：NC_021314.1）；Belliella baltica（NCBI Ref：NC_018010.1）；Psychroflexus torquisI（NCBI Ref：NC_018721.1）；Streptococcus thermophilus（NCBI Ref：YP_820832.1）；Listeria innocua（NCBI Ref：NP_472073.1）；Campylobacter jejuni（NC

BI Ref：YP_002344900.1）；またはNeisseria. meningitidis（NCBI Ref：YP_002342100.1）に由来するＣａｓ９を指すか、または例３に列挙されている生物のいずれかからのＣａｓ９を指す。

【０１００】

いくつかの態様において、ｄＣａｓ９は、Ｃａｓ９ヌクレアーゼ活性を不活性化する１以上の変異を有するＣａｓ９アミノ酸配列の、一部または全部に対応するか、またはこれを含む。例えば、いくつかの態様において、ｄＣａｓ９ドメインは、Ｄ１０Ａおよび／またはＨ８４０Ａ変異を含む。

ｄＣａｓ９（Ｄ１０ＡおよびＨ８４０Ａ）：

【数４－１】

MDKK**YSIGLA*IGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGET**AEATRLKRTARRRYTR
RKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNI*VDEVAYHEKYPTIYH*LRKKLVDSTD
KADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVD*KLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRR
LENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDA*KLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAK*
NLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQ
EEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGS*IPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKI
LTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEE*VVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEY
FTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGE*QKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASL
GTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWG*RLSRK
LINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQT
VKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQK**GQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYY
LQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAK
LITQRKFDNLTK**AERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSD
FRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYS
NIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRN
SDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEV
KKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHY

【数４－２】

LDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTK
EVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号８）（一重下線：ＨＮＨドメイン；二重下線：ＲｕｖＣドメイン）

【０１０１】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９は、Ｃａｓ９のヌクレアーゼ活性を変化させる１以上の変異を有するＣａｓ９アミノ酸配列に対応するか、または一部もしくは全体において含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９はＣａｓ９ニッカーゼでもよく、それは特定の部位で共発現されたｇＲＮＡ特異的標的配列に基づいて（二本鎖ＤＮＡ切断よりも）一重鎖ＤＮＡ切断を行うＣａｓ９のバージョンである。例えば、いくつかの態様において、Ｃａｓ９ドメインは、Ｄ１０Ａ変異（例えば配列番号３０１）および／またはＨ８４０Ａ変異（例えば配列番号３０２）を含む。典型的なＣａｓ９ニッカーゼを以下に示す。しかしながら、ＤＮＡ二重らせんの一本鎖ＤＮＡを切断するさらなるＣａｓ９ニッカーゼが当業者にとり自明であり、本開示の範囲内であることが理解されるべきである。

Ｃａｓ９ Ｄ１０Ａニッカーゼ：

【数５】

MDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRR
KNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKAD
LRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENL
IAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAI
LLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKF
IKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPY
YVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELT
KVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKI
IKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKV
MGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVD
QELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNL
TKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKV
REINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEI
TLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKD
WDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPK
YSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISE
FSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQ
SITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号３０１）（一重下線：ＨＮＨドメイン；二重下線：ＲｕｖＣドメイン）
Ｃａｓ９ Ｈ８４０Ａニッカーゼ：
【数６－１】

MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEATRLKRTARRRYTRR
KNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKAD
LRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENL
IAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAI
LLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKF
IKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPY
YVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELT
KVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKI
IKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQS
GKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKV

【数６－２】

MGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVD
QELDINRLSDYDVDAIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNL
TKAERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKV
REINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEI
TLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKD
WDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPK
YSLFELENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISE
FSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQ
SITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号３０２）（一重下線：ＨＮＨドメイン；二重下線：ＲｕｖＣドメイン）
【０１０２】
他の態様においては、Ｄ１０ＡおよびＨ８４０Ａ以外の変異を有するｄＣａｓ９バリアントが提供され、これは例えばヌクレアーゼ不活性化型Ｃａｓ９（ｄＣａｓ９）をもたらす。かかる変異は、例として、Ｄ１０およびＨ８２０における他のアミノ酸置換、またはＣａｓ９のヌクレアーゼドメイン内の他の置換を包含する（例えば、ＨＮＨヌクレアーゼサブドメインおよび／またはＲｕｖＣ１サブドメインにおける置換）。いくつかの態様においては、ｄＣａｓ９のバリアントまたはホモログ（例えば、配列番号９のバリアント）が提供され、これらが、配列番号９と少なくとも約７０％同一、少なくとも約８０％同一、少なくとも約９０％同一、少なくとも約９５％同一、少なくとも約９８％同一、少なく

とも約９９％同一、少なくとも約９９．５％同一、または少なくとも約９９．９％同一である。いくつかの態様においては、ｄＣａｓ９のバリアント（例えば、配列番号９のバリアント）が提供され、約５アミノ酸、約１０アミノ酸、約１５アミノ酸、約２０アミノ酸、約２５アミノ酸、約３０アミノ酸、約４０アミノ酸、約５０アミノ酸、約７５アミノ酸、約１００アミノ酸、またはより多くだけ配列番号９よりも短いかまたは長いアミノ酸配列を有する。

【０１０３】

いくつかの態様において、本明細書に示すＣａｓ９融合蛋白質は、Ｃａｓ９蛋白質の全長アミノ酸配列（例えば上記で示した配列の１つ）を含む。しかしながら、他の態様において、本明細書に示す融合蛋白質は、全長Ｃａｓ９配列でなく、その断片のみを含む。例えば、いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９融合蛋白質は、ｃｒＲＮＡおよびｔｒａｃｒＲＮＡまたはｓｇＲＮＡと結合するが、機能的なヌクレアーゼドメインを含まない（例えばヌクレアーゼドメインの欠失バージョンのみを含むかまたはヌクレアーゼドメインを全く含まない）Ｃａｓ９断片を含む。好適なＣａｓ９ドメインおよびＣａｓ９断片のアミノ酸配列の例は、本明細書において示すとおりであり、Ｃａｓ９ドメインおよびＣａｓ９断片のさらなる好適な配列は、当業者にとり自明である。いくつかの態様において、Ｃａｓ９断片は、対応する野生型Ｃａｓ９蛋白質に対して、少なくとも３０パーセント、少なくとも３５パーセント、少なくとも４０パーセント、少なくとも４５パーセント、少なくとも５０パーセント、少なくとも５５パーセント、少なくとも６０パーセント、少なくとも６５パーセント、少なくとも７０パーセント、少なくとも７５パーセント、少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９５パーセントの同一性、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントのアミノ酸長である。いくつかの態様において、Ｃａｓ９断片は、少なくとも１００アミノ酸長を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９断片は、対応する野生型Ｃａｓ９蛋白質のうちの、少なくとも１００、１５０、２００、２５０、３００、３５０、４００、４５０、５００、５５０、６００、６５０、７００、７５０、８００、８５０、９００、９５０、１，０００、１，０５０、１，１００、１，１５０、１，２００、１，２５０、１，３００、１，３５０、１，４００、１，４５０、１，５００、１，５５０または少なくとも１６００のアミノ酸である。いくつかの態様において、Ｃａｓ９断片は、対応する野生型Ｃａｓ９蛋白質のうちの、少なくとも１０、少なくとも１５、少なくとも２０、少なくとも３０、少なくとも４０、少なくとも５０、少なくとも６０、少なくとも７０、少なくとも８０、少なくとも９０、少なくとも１００、少なくとも１５０、少なくとも２００、少なくとも２５０、少なくとも３００、少なくとも３５０、少なくとも４００、少なくとも５００、少なくとも６００、少なくとも７００、少なくとも８００、少なくとも９００、少なくとも１０００、少なくとも１１００または少なくとも１２００の同一の隣接するアミノ酸残基を有するアミノ酸配列を含む。

【０１０４】

Ｃａｓ９

いくつかの態様において、Ｃａｓ９は、Corynebacterium ulcerans（NCBI Refs：NC_015683.1、NC_017317.1）、Corynebacterium diphtheria（NCBI Refs：NC_016782.1、NC_016786.1）、Spiroplasma syrphidicola（NCBI Ref：NC_021284.1）、Prevotella intermedia（NCBI Ref：NC 017861.1）、Spiroplasma taiwanense（NCBI Ref：NC_021846.1）、Streptococcus iniae（NCBI Ref：NC_021314.1）、Belliella baltica（NCBI Ref：NC_018010.1）、Psychroflexus torquisl（NCBI Ref：NC_018721.1）、Streptococcus thermophilus（NCBI Ref：YP_820832.1）、Listeria innocua（NCBI Ref：NP_472073.1）、Campylobacter jejuni（NCBI Ref：YP_002344900.1）、またはNeisseria, meningitidis（NCBI Ref：YP_002342100.1）に由来するＣａｓ９を指す。

【０１０５】

本明細書中で使用する「デアミナーゼまたはデアミナーゼドメイン」なる用語は、脱アミノ化反応を触媒する蛋白質または酵素を意味する。いくつかの態様において、デアミナーゼまたはデアミナーゼドメインは、シチジンデアミナーゼであり、シチジンまたはデオキシシチジンを、それぞれウリジンまたはデオキシウリジンに加水分解する脱アミノ化反応を触媒する。いくつかの態様において、デアミナーゼまたはデアミナーゼドメインは、シトシンデアミナーゼであり、シトシンのウラシルに加水分解する脱アミノ化反応を触媒する。いくつかの態様において、デアミナーゼまたはデアミナーゼドメインは、ヒト、チンパンジー、ゴリラ、サル、ウシ、イヌ、ラットまたはマウスなどの生物に由来する天然型のデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼまたはデアミナーゼドメインは、天然には存在しない、生物由来の天然型デアミナーゼの変異体である。例えば、いくつかの態様において、デアミナーゼまたはデアミナーゼドメインは、生物由来の天然型デアミナーゼに対して、少なくとも５０パーセント、少なくとも５５パーセント、少なくとも６０パーセント、少なくとも６５パーセント、少なくとも７０パーセント、少なくとも７５パーセント少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。

【０１０６】

本明細書中で使用する「有効量」なる用語は、目的の生物学的反応を生じさせるのに十分な、生物学的活性物質の量を意味する。例えば、いくつかの態様において、ヌクレアーゼの有効量は、ヌクレアーゼによる切断される標的部位への特異的結合および切断を誘導するのに十分なヌクレアーゼの量を指す。いくつかの態様において、本明細書に示される融合蛋白質（例えばヌクレアーゼ不活性Ｃａｓ９ドメインおよびエフェクタードメイン（例えばデアミナーゼドメイン）からなる融合蛋白質）の有効量は、融合蛋白質による編集される標的部位への特異的結合および編集を誘導するのに十分な融合蛋白質の量を指す。当業者により理解されるように、例えば融合蛋白質、ヌクレアーゼ、デアミナーゼ、リコンビナーゼ、ハイブリッド蛋白質、蛋白質ダイマー、蛋白質（または蛋白質ダイマー）とポリヌクレオチドとの複合体、またはポリヌクレオチドなどの剤の有効量は、目的の生物学的反応（例えば編集される特定のアレル、ゲノムまたは標的部位に対する）、標的とする細胞または組織、ならびに用いる剤などの、各種の要因に応じて変化しうる。

【０１０７】

「２つの核酸配列に関する文脈で用いられる「直接隣接する」という用語は、２つの配列が同じ核酸分子の一部として各々直接に連結し、１以上のヌクレオチドによって分離されていないことを意味する。したがって、それらの配列は、１つの配列３’末端のヌクレオチドが、他の配列の５’末端のヌクレオチドにホスホジエステル結合を介して直接連結するとき、直接隣接しているという。

【０１０８】

本明細書中で使用する「リンカー」なる用語は、２つの分子または部分、例えば融合蛋白質（例えばヌクレアーゼ不活性Ｃａｓ９ドメインとエフェクタードメイン（例えばデアミナーゼドメイン））の２つのドメインを連結する化学基または分子を指す。いくつかの態様において、リンカーは、Ｃａｓ９ヌクレアーゼドメインなどの、ＲＮＡプログラム可能ヌクレアーゼのｇＲＮＡ結合ドメインと、核酸編集蛋白質の触媒ドメインと、を連結する。いくつかの態様において、リンカーは、ｄＣａｓ９と核酸編集蛋白質とを連結する。典型的には、リンカーは、２つの基、分子または他の部分の間に位置するか、またはそれらに挟まれ、共有結合を経て、これらの２つのものを連結する。いくつかの態様において、リンカーは、アミノ酸または複数のアミノ酸（例えばペプチドまたは蛋白質）である。いくつかの態様において、リンカーは、有機性の分子、基、ポリマーまたは化学部分である。いくつかの態様において、リンカーは、５～１００のアミノ酸長であり、例えば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、３０～３５、３５～

４０、４０～４５、４５～５０、５０～６０、６０～７０、７０～８０、８０～９０、９０～１００、１００～１５０または１５０～２００のアミノ酸長である。より長いまたは短いリンカーも包含される。

【０１０９】

本明細書で使用される用語「変異」は、配列（例えば核酸またはアミノ酸配列）内の１以上の残基の、他の残基による置換、欠失または挿入を指す。本明細書において変異は、典型的には、まず元の残基を特定し、続いて配列内の残基の位置を特定し、そして新しく置換された残基を特定することにより記載される。本明細書で提供されるアミノ酸置換（変異）を作製するための様々な方法が公知であり、例えばGreen and Sambrook, Molecular Cloning:A Laboratory Manual (4th ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. (2012)に記載されている。

【０１１０】

本明細書で用いられる用語「核酸」および「核酸分子」は、核酸塩基および酸部分（例えばヌクレオシド、ヌクレオチドまたはヌクレオチドのポリマー）を含む化合物を指す。典型的には、重合した核酸（例えば３つ以上のヌクレオチドを含む核酸分子）は直鎖状分子であり、隣接するヌクレオチドはホスホジエステル結合を介して各々連結される。いくつかの態様において、「核酸」は、個々の核酸残基（例えばヌクレオチドおよび／またはヌクレオシドである）を指す。いくつかの態様において、「核酸」は、３つ以上の個々のヌクレオチド残基を含むオリゴヌクレオチド鎖を指す。本明細書で用いられるように、用語「オリゴヌクレオチド」および「ポリヌクレオチド」は、ヌクレオチドのポリマーを指すもの（例えば少なくとも３つのヌクレオチドの鎖）として交換可能に使用できる。いくつかの態様において、「核酸」には、ＲＮＡならびに一本鎖および／または二本鎖のＤＮＡが包含される。核酸は、例えばゲノム、転写物、ｍＲＮＡ、ｔＲＮＡ、ｒＲＮＡ、ｓｉＲＮＡ、ｓｎＲＮＡ、プラスミド、コスミド、染色体、染色分体または他の天然由来の核酸分子など、天然に存在するものであってもよい。一方、核酸分子は、例えば非天然に存在する組換え分子ＤＮＡまたはＲＮＡ、人工染色体、設計されたゲノムまたはその断片、または合成ＤＮＡ、ＲＮＡ、ＤＮＡ／ＲＮＡハイブリッドであってもよく、または非天然のヌクレオチドまたはヌクレオシドを含有するものであってもよい。さらにまた、用語「核酸」、「ＤＮＡ」、「ＲＮＡ」および／または同様の用語には、核酸類似体（例えばホスホジエステル骨格以外の骨格を有する類似体）が含まれる。核酸は、天然の給源から精製されてもよく、組換え発現系を使用して、任意に精製を行い製造してもよく、化学合成してもよい。必要に応じて、例えば化学合成された分子の場合、核酸は、ヌクレオシド類縁体（例えば化学修飾塩基または糖、および修飾された骨格を有する類似体）を含むことができる。特に明記しない限り、核酸配列は５’から３’の方向に示す。いくつかの態様において、核酸は、以下のものであっても、またはそれを含んでもよい：天然ヌクレオシド（例えばアデノシン、チミジン、グアノシン、シチジン、ウリジン、デオキシアデノシン、デオキシチミジン、デオキシグアノシンおよびデオキシシチジン）、ヌクレオシド類縁体（例えば２－アミノアデノシン、２－チオチミジン、イノシン、ピロロ－ピリミジン、３－メチル・アデノシン、５－メチルシチジン、２－アミノアデノシン、Ｃ５－ブロモウリジン、Ｃ５－フルオロウリジン、Ｃ５－ヨードウリジン、Ｃ５－プロピニル－ウリジン、Ｃ５－プロピニル－シチジン、Ｃ５－メチルシチジン、２－アミノアデノシン、７－デアザアデノシン、７－デアザグアノシン、８－オキソアデノシン、８－オキソグアノシン、Ｏ（６）－メチルグアニンおよび２－チオシチジン）、化学修飾塩基、生物学的修飾塩基（例えばメチル化塩基）、インターカレーションされた塩基、修飾糖（例えば２’－フルオロリボース、リボース、２’－デオキシリボース、アラビノースおよびヘキソース）、および／または修飾リン酸基（例えばホスホロチオエートおよび５’－Ｎ－ホスホロアミダイト結合）。いくつかの態様において、ＲＮＡは、Ｃａｓ９システムと関連するＲＮＡである。例えばＲＮＡは、ＣＲＩＳＰＲ ＲＮＡ（ｃｒＲＮＡ）、トランスコードされたスモールＲＮＡ（ｔｒａｃｒＲＮＡ）、シングルガイドＲＮＡ（ｓｇＲＮＡ）またはガイドＲＮＡ（ｇＲＮＡ）であってもよい。

【０１１１】
本明細書中で使用する「増殖疾患」なる用語は、細胞または細胞集団が異常に高い増殖速度を示すという点で、細胞または組織のホメオスタシスが妨害されるあらゆる疾患を意味する。増殖疾患には、高増殖性疾患（例えば前新生物過形成性症状および新生物疾患）が含まれる。新生物疾患は、異常な細胞増殖によって特徴づけられ、良性および悪性新形成が含まれる。悪性新形成は癌とも呼ばれる。
【０１１２】
用語「蛋白質」、「ペプチド」および「ポリペプチド」は、本明細書において交換可能に用いられ、ペプチド（アミド）結合によって連結されたアミノ酸残基のポリマーを指す。当該用語は、いかなるサイズ、構造または機能の蛋白質、ペプチドまたはポリペプチドをも指す。典型的には、蛋白質、ペプチドまたはポリペプチドは、少なくとも３アミノ酸長である。蛋白質、ペプチドまたはポリペプチドは、個々の蛋白質または一まとまりの蛋白質を指す場合もある。１以上の蛋白質、ペプチドまたはポリペプチドのアミノ酸を、例えば化学的部分（例えば炭水化物基、ヒドロキシル基、リン酸基、ファルネシル基、イソファルネシル基、脂肪酸基、コンジュゲートのためのリンカー、官能化または他の修飾など）の付加によって修飾してもよい。蛋白質、ペプチドまたはポリペプチドは、単一の分子でもよく、または多分子の複合体であってもよい。蛋白質、ペプチドまたはポリペプチドは、天然に存在する蛋白質またはペプチドの断片のみでもよい。蛋白質、ペプチドまたはポリペプチドは、天然由来、組み換え体、合成物またはそれらのいかなる組み合わせであってもよい。本明細書中で使用する「融合蛋白質」なる用語は、少なくとも２つの異なる蛋白質に由来する蛋白質ドメインを含むハイブリッドポリペプチドを意味する。１つの蛋白質は、融合蛋白質のアミノ末端（Ｎ末端）部分または蛋白質のカルボキシ末端（Ｃ末端）に位置してもよく、それにより、「アミノ末端融合蛋白質」または「カルボキシ末端融合蛋白質」がそれぞれ形成される。蛋白質はいくつかのドメインを含んでもよく、例えば核酸結合ドメイン（例えば標的部位への蛋白質の結合を促進するＣａｓ９のｇＲＮＡ結合ドメイン）および核酸編集蛋白質の核酸切断ドメインまたは触媒ドメインを含んでもよい。いくつかの態様において、蛋白質はタンパク様部分を含み、例えば、核酸結合ドメインを構成するアミノ酸配列および有機化合物（例えば核酸分解剤として作用できる化合物）を含む。いくつかの態様において、蛋白質は、核酸（例えばＲＮＡ）と共に、またはそれとの会合において複合体として存在する。本発明で提供されるいずれの蛋白質も、公知技術のいずれかの方法によって製造することができる。例えば、本発明で提供される蛋白質は、組換え蛋白質発現および精製を経て製造されてもよく、特にペプチドリンカーを含む融合蛋白質に適する。組換え蛋白質の発現および精製のための方法は公知であり、参照により全開示内容が援用されるGreen and Sambrook, Molecular Cloning:A Laboratory Manual（4th ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. (2012)）に記載の方法が挙げられる。
【０１１３】
用語「ＲＮＡプログラム可能ヌクレアーゼ」および「ＲＮＡガイドされるヌクレアーゼ」は、本明細書において交換可能に用いられ、切断の標的ではない１以上のＲＮＡと複合錯体を形成する（例えば結合または会合する）ヌクレアーゼを指す。いくつかの態様において、ＲＮＡプログラム可能ヌクレアーゼは、ＲＮＡとの複合体であるとき、ヌクレアーゼ：ＲＮＡ複合体と称されうる。典型的には、結合する一以上のＲＮＡはガイドＲＮＡ（ｇＲＮＡ）と称される。ｇＲＮＡは、二つ以上のＲＮＡの複合体として、または一本鎖のＲＮＡ分子として存在してもよい。一本鎖のＲＮＡ分子として存在するｇＲＮＡは、一本鎖ガイドＲＮＡ（ｓｇＲＮＡ）とも称されるが、「ｇＲＮＡ」は交換可能に、単一分子として、または二つ以上の分子の複合体として存在するガイドＲＮＡを指すこともある。典型的には、単一のＲＮＡ種として存在するｇＲＮＡは、２つのドメイン：（１）標的核酸酸とのホモロジーを共有するドメイン（例えば、Ｃａｓ９複合体の標的への結合を促進する）、および（２）Ｃａｓ９蛋白質と結合するドメイン、を含む。いくつかの態様において、ドメイン（２）は、ｔｒａｃｒＲＮＡとして公知の配列に対応し、ステム－ループ構

造を含む。例えば、いくつかの態様において、ドメイン（２）は、全開示内容を参照により本明細書に援用するJinek et al, Science 337:816-821(2012)に記載のｔｒａｃｒＲＮＡと同一であるか、または相同性を有する。ｇＲＮＡｓの他の例（例えばドメイン２を含むもの）は、米国仮特許出願第６１／８７４，６８２号（２０１３年９月６日に出願）「切り替え可能なＣａｓ９ヌクレアーゼおよびその使用」、および米国仮特許出願第６１／８７４，７４６号（２０１３年９月６日に出願）「機能性ヌクレアーゼの送達システム」に記載され、各々の全開示内容を本明細書において参照により援用する。いくつかの態様において、ｇＲＮＡは、二つ以上のドメイン（１）および（２）を含み、それは「伸長型(extended)ｇＲＮＡ」と称されることもある。例えば伸長型ｇＲＮＡは、例えば本明細書に記載のように、二つ以上のＣａｓ９蛋白質と結合し、二つ以上の異なった領域において標的核酸と結合する。ｇＲＮＡは、標的部位と相補的なヌクレオチド配列を含み、前記標的部位に対するヌクレアーゼ／ＲＮＡ複合体の結合を媒介し、ヌクレアーゼ：ＲＮＡ複合体の配列特異性を提供する。いくつかの態様において、ＲＮＡプログラム可能ヌクレアーゼは、（ＣＲＩＳＰＲ－会合系）Ｃａｓ９エンドヌクレアーゼ、例えばStreptococcus pyogenes由来のＣａｓ９（Ｃｓｎｌ）である（例えば、全開示内容を参照により本明細書に援用する"Complete genome sequence of an Ml strain of Streptococcus pyogenes." Ferretti J. J., McShan W.M., Ajdic D.J., Savic D.J., Savic G., Lyon K., Primeaux C., Sezate S., Suvorov A.N., Kenton S., Lai H.S., Lin S.P., Qian Y., Jia H.G., Najar F.Z., Ren Q., Zhu H., Song L., White J., Yuan X., Clifton S.W., Roe B.A., McLaughlin R.E., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 98:4658-4663 (2001)、"CRISPR RNA maturation by trans-encoded small RNA and host factor RNase III." Deltcheva E., Chylinski K., Sharma CM., Gonzales K., Chao Y., Pirzada Z.A., Eckert M.R., Vogel J., Charpentier E., Nature 471 : 602-607 (2011)、および"A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity." Jinek M., Chylinski K., Fonfara I, Hauer M., Doudna J. A., Charpentier E. Science 337:816-821 (2012)を参照。

【０１１４】

ＲＮＡプログラム可能ヌクレアーゼ（例えばＣａｓ９）は、標的ＤＮＡ切断部位に対するＲＮＡ：ＤＮＡハイブリダイゼーションを用いるため、これらの蛋白質は、原則として、ガイドＲＮＡにより特定されるいかなる配列も標的とすることが可能である。部位特異的な切断（例えばゲノムの修飾）のためのＲＮＡプログラム可能ヌクレアーゼ（例えばＣａｓ９）を使用する方法は公知技術である（例えば、全開示内容を参照により本明細書に援用するCong, L. et al. Multiplex genome engineering using CRISPR/Cas systems. Science 339, 819-823 (2013)、Mali, P. et al. RNA-guided human genome engineering via Cas9. Science 339, 823-826 (2013)、Hwang, W.Y. et al. Efficient genome editing in zebrafish using a CRISPR-Cas system. Nature biotechnology 31, 227-229 (2013)、Jinek, M. et al. RNA-programmed genome editing in human cells. eLife 2, e00471 (2013)、Dicarlo, J.E. et al. Genome engineering in Saccharomyces cerevisiae using CRISPR-Cas systems. Nucleic acids research (2013)、Jiang, W. et al. RNA-guided editing of bacterial genomes using CRISPR-Cas systems. Nature biotechnology 31, 233-239 (2013)を参照）。

【０１１５】

本明細書で使用される用語「被験者」は、個々の生物（例えば個々の哺乳動物）を指す。いくつかの態様において、被験者は、ヒトである。いくつかの態様において、被験者は、非ヒト哺乳動物である。いくつかの態様において、被験者は、非ヒト霊長動物である。いくつかの態様において、被験者は、齧歯動物である。いくつかの態様において、被験者は、ヒツジ、ヤギ、ウシ、ネコまたはイヌである。いくつかの態様において、被験者は、脊椎動物、両生類、爬虫類、魚、昆虫、ハエまたは線虫である。いくつかの態様において、被験者は、実験動物である。いくつかの態様において、被験者は、遺伝子操作された、例えば遺伝子操作された非ヒト被験者である。被験者は、いずれの性でも、いかなる年齢

でも、またいかなる発生段階のものでもあってもよい。
【０１１６】
「標的部位」という用語は、核酸分子内の、デアミナーゼまたはデアミナーゼを含む融合蛋白質によって脱アミノ化される配列を指す（例えば、本発明で提供されるｄＣａｓ９－デアミナーゼ融合蛋白質）。
【０１１７】
用語「処置」、「処置する」および「処置すること」は、本明細書に記載の疾患もしくは障害またはその１以上の徴候の進展を逆転させるか、軽減するか、発症を遅延させるか、または阻害するために行われる臨床的介入を指す。本明細書で用いられる用語「処置」、「処置する」および「処置すること」は、本明細書に記載の疾患もしくは障害またはその１以上の徴候の進展を逆転させるか、軽減するか、発症を遅延させるか、または阻害するために行われる臨床的介入を指す。いくつかの態様において、処置は、１以上の症状が発症した後で、および／または、疾患が診断された後で、施すことができる。他の態様において、処置は、徴候がない場合にも、例えば症状の発症を予防または遅延させるか、または疾患の発症または進行を阻害するために施してもよい。例えば、処理は、（例えば症状の病歴を考慮し、および／または、遺伝的もしくは他の感受性要因を考慮し）徴候が現れる前に、感受性を有する個人に施してもよい。処理は、徴候が解消した後も、例えばそれらの再発を防止または遅延させるために、継続させてもよい。
【０１１８】
蛋白質または核酸の前後関係において本明細書で用いられる「組み換え」という用語は、天然には発生せず、人為的な工学的製品である蛋白質または核酸を指す。例えば、いくつかの態様において、組み換え蛋白質または核酸分子には、いずれかの天然に生じる配列と比較し、少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含む、アミノ酸またはヌクレオチド配列が含まれる。
【０１１９】
本明細書中で使用する「核酸編集酵素」なる用語は、核酸または核酸中の１以上のヌクレオチド塩基を修飾できる蛋白質を意味する。例えば、いくつかの態様において、核酸編集酵素は、ＣからＴへの、またはＧからＡへの変化を触媒することができるデアミナーゼである。本明細書の開示に従い使用できる他の好適な核酸編集酵素としては、ヌクレアーゼ、ニッカーゼ、リコンビナーゼ、デアミナーゼ、メチルトランスフェラーゼ、メチラーゼ、アセチラーゼまたはアセチルトランスフェラーゼが挙げられるが、これらに限定されない。
【０１２０】
本発明の特定態様の詳細な説明：
本発明の開示のいくつかの側面は、３’末端に古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’、Ｎはいずれかのヌクレオチド（例えばＡ、Ｔ、ＧまたはＣ））を含まないＤＮＡの塩基配列を効率的に標的とする組み換えＣａｓ９蛋白質の提供に関する。いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質は、ランダム化されたＰＡＭ配列を含む標的配列ライブラリーを使用した定方向進化実験において同定された１以上の変異を含む。本発明で提供される組み換えＰＡＭ非拘束型Ｃａｓ９蛋白質は、３’末端に古典的ＰＡＭ配列を含まないＤＮＡの塩基配列のターゲティングに有用であり、それにより、遺伝子編集に対するＣａｓ９技術の有用性を非常に高めるものである。
【０１２１】
本発明の開示のいくつかの側面は、Ｃａｓ９蛋白質と、例えばデアミナーゼドメインなどのエフェクタードメイン（例えばＤＮＡ編集ドメイン）と、を含む融合蛋白質の提供に関する。デアミナーゼによる核酸塩基の脱アミノ化により、特定の残基における点変異をもたらすことができ、それは本発明においては核酸編集と称される。Ｃａｓ９蛋白質またはその変異体と、ＤＮＡ編集ドメインと、を含む融合蛋白質は、ゆえに、核酸配列の標的特異的な編集のために使用できる。かかる融合蛋白質は、例えば変異細胞または動物の作

製のための、例えばエクスビボでの細胞内の（例えば同一または異なる被験者にその後再導入される、被験者由来の細胞内の）遺伝子欠損の修復を目的とする、標的特異的な変異導入のための、ならびに、例えばインビボでの被験者の疾患関連遺伝子における遺伝子欠損の修復または当該遺伝子の不活性化のための変異導入を目的とする、標的特異的な変異導入のための、インビトロでのＤＮＡの標的特異的な編集に有用である。典型的には、本明細書に記載の融合蛋白質のＣａｓ９蛋白質は、いかなるヌクレアーゼ活性も有さず、代わりにＣａｓ９断片またはｄＣａｓ９蛋白質である。本明細書に記載のＣａｓ９融合蛋白質の使用方法も提供される。

【０１２２】

非限定的に例示されるヌクレアーゼ不活性化Ｃａｓ９蛋白質が本明細書に提供される。例示される１つの好適なヌクレアーゼ不活性化Ｃａｓ９蛋白質は、Ｄ１０Ａ／Ｈ８４０ＡＣａｓ９蛋白質変異：

MDKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEA
TRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNI
VDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVD
KLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIAL
SLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDI
LRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDG
GASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ
EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGAS
AQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKA
IVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLD
NEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLIN
GIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLA
GSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGI
KELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDAIVPQSFLK
DDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRK
DFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQ
EIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLS
MPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAK
VEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGR
KRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII
EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTID
RKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD（配列番号２６２；例えば、Qi et al., Repurposing CRISPR as an RNA-guided platform for sequence-specific control of gene expression. Cell. 2013; 152(5):1173-83を参照。これの全内容は参照により組み込まれる）。

【０１２３】

追加の好適なヌクレアーゼ不活性型Ｃａｓ９ドメインは、本開示に基づいて当業者には明らかであろう。かかる追加の例示的な好適なヌクレアーゼ不活性型Ｃａｓ９蛋白質は、Ｄ１０Ａ、Ｄ８３９Ａ、Ｈ８４０Ａ、Ｎ８６３Ａ、Ｄ１０Ａ／Ｄ８３９Ａ、Ｄ１０Ａ／Ｈ８４０Ａ、Ｄ１０Ａ／Ｎ８６３Ａ、Ｄ８３９Ａ／Ｈ８４０Ａ、Ｄ８３９Ａ／Ｎ８６３Ａ、Ｄ１０Ａ／Ｄ８３９Ａ／Ｈ８４０Ａ、およびＤ１０Ａ／Ｄ８３９Ａ／Ｈ８４０Ａ／Ｎ８６３Ａ変異体蛋白質を包含するが、これに限定されない（例えば、Prashant et al., CAS9 transcriptional activators for target specificity screening and paired nickases for cooperative genome engineering. Nature Biotechnology. 2013; 31(9): 833-838参照。その内容全体は参照によって本明細書に組み込まれる）。

【０１２４】

組み換えＣａｓ９蛋白質

本発明の開示のいくつかの側面は、配列番号１０～２６２のいずれかにより示されるＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセント同一であるアミノ酸配列を含む組み換えＣａｓ９蛋白質の提供に関し、Ｃａｓ９蛋白質は、ＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含み、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応するアミノ酸残基、からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でない。

【０１２５】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６２Ｔ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、Ｘは、対応する位置のいずれかのアミノ酸を表す。

【０１２６】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｋ２９４Ｒ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩまたはＥ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＥ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。

【０１２７】

いくつかの態様において、ＨＮＨドメインのアミノ酸配列は、配列番号９のＨＮＨドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号１０～２６２のいずれかのＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号９のＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａおよび／またはＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。

【０１２８】
非古典的ＰＡＭに対する活性を有する組み換えＣａｓ９蛋白質
本発明の開示のいくつかの側面は、配列番号９により示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセントの同一性を有するアミノ酸配列を含み、配列番号９のＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む組み換えＣａｓ９の提供に関し、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９、からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でなく、組み換えＣａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する活性（増加した活性）を示す。
【０１２９】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していない３’末端を有する標的配列に対する活性を示し、同じ標的配列に対する、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenes Ｃａｓ９の活性と比較し、少なくとも２倍、少なくとも３倍、少なくとも５倍、少なくとも１０倍、少なくとも５０倍、少なくとも１００倍、少なくとも５００倍、少なくとも１，０００倍、少なくとも５，０００倍、少なくとも１０，０００倍、少なくとも５０，０００倍、少なくとも１００，０００倍、少なくとも５００，０００倍、または少なくとも１，０００，０００倍増加している。いくつかの態様において、標的配列の３’末端は、ＡＧＣ、ＧＡＧ、ＴＴＴ、ＧＴＧまたはＣＡＡ配列と直接隣接している。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質活性は、ヌクレアーゼアッセイ、脱アミノアッセイまたは転写活性化アッセイで測定される。いくつかの態様において、転写活性化アッセイは、レポーター活性化アッセイ（例えばＧＦＰ活性化アッセイ）である。転写活性化アッセイを用いた（例えばＣａｓ９の）結合活性測定のための典型的な方法は、公知技術であり、当業者に自明である。例えば三要素(tripartite)活性化因子ＶＰＲを用いたＣａｓ９活性の測定方法は、全開示内容を参照により本明細書に援用するChavez A., et al., "Highly efficient Cas9-mediated transcriptional programming." Nature Methods 12, 326-328 (2015)に記載されている。
【０１３０】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６２Ｔ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、Ｘは、対応する位置のいずれかのアミノ酸を表す。
【０１３１】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｋ２９４Ｒ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩまたはＥ１２１９Ｖ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。
【０１３２】
いくつかの態様において、ＨＮＨドメインのアミノ酸配列は、配列番号２、４または９

のいずれかのＨＮＨドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号１０～２６２のいずれかのＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａおよび／またはＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。

【０１３３】

本発明の開示のいくつかの側面は、配列番号９により示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセントの同一性を有するアミノ酸配列を含み、配列番号９のＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む組み換えＣａｓ９の提供に関し、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９、からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でなく、組み換えＣａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する増加した活性を示す。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号２、４または９のいずれかのＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０ＡおよびＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。

【０１３４】

本発明の開示のいくつかの側面は、配列番号９により示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセントの同一性を有するアミノ酸配列を含み、配列番号９のＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む組み換えＣａｓ９の提供に関し、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でなく、組み換えＣａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する増加した活性を示す。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号２、４または９のいずれかのＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａ変

異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９はさらに、配列番号９に示される位置８４０においてヒスチジン残基を含むか、または、配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかにおいて対応するヒスチジン残基を含む。いかなる特定の理論にも拘束されないが、触媒的残基Ｈ８４０の存在により、Ｃａｓ９による、非標的鎖（すなわちｓｇＲＮＡにより結合される鎖）の切断が可能となる。いくつかの態様において、配列番号９に示されるアミノ酸配列の位置８４０、または配列番号１０～２６２に示される対応するアミノ酸配列中の位置に、ヒスチジン以外のアミノ酸残基を有するＣａｓ９は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基８４０、または配列番号１０－２６２に示される対応するアミノ酸配列中の位置が、ヒスチジンに変更または変異されてもよい。

【０１３５】

本発明の開示のいくつかの側面は、配列番号９により示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセントの同一性を有するアミノ酸配列を含み、配列番号９のＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む組み換えＣａｓ９の提供に関し、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基２６２、２６７、２９４、４０５、４０９、４８０、５４３、６９４、１２１９、１２２４および１２５６からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でなく、組み換えＣａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する活性（増加した活性）を示す。

【０１３６】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していない３’末端を有する標的配列に対する活性を示し、同じ標的配列に対する、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenes Ｃａｓ９の活性と比較し、少なくとも２倍、少なくとも３倍、少なくとも５倍、少なくとも１０倍、少なくとも５０倍、少なくとも１００倍、少なくとも５００倍、少なくとも１，０００倍、少なくとも５，０００倍、少なくとも１０，０００倍、少なくとも５０，０００倍、少なくとも１００，０００倍、少なくとも５００，０００倍、または少なくとも１，０００，０００倍増加している。いくつかの態様において、標的配列の３’末端は、ＡＡＡ、ＡＡＣ、ＡＡＧ、ＡＡＴ、ＣＡＡ、ＣＡＣ、ＣＡＧ、ＣＡＴ、ＧＡＡ、ＧＡＣ、ＧＡＧ、ＧＡＴ、ＴＡＡ、ＴＡＣ、ＴＡＧ、ＴＡＴ、ＡＣＡ、ＡＣＣ、ＡＣＧ、ＡＣＴ、ＣＣＡ、ＣＣＣ、ＣＣＧ、ＣＣＴ、ＧＣＡ、ＧＣＣ、ＧＣＧ、ＧＣＴ、ＴＣＡ、ＴＣＣ、ＴＣＧ、ＴＣＴ、ＡＧＡ、ＡＧＣ、ＡＧＴ、ＣＧＡ、ＣＧＣ、ＣＧＴ、ＧＧＡ、ＧＧＣ、ＧＧＴ、ＴＧＡ、ＴＧＣ、ＴＧＴ、ＡＴＡ、ＡＴＣ、ＡＴＧ、ＡＴＴ、ＣＴＡ、ＣＴＣ、ＣＴＧ、ＣＴＴ、ＧＴＡ、ＧＴＣ、ＧＴＧ、ＧＴＴ、ＴＴＡ、ＴＴＣ、ＴＴＧまたはＴＴＴ ＰＡＭ配列と直接隣接している。

【０１３７】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ２６２Ｔ、Ｘ２６７Ｇ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４０５Ｉ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４Ｉ、Ｘ１２１９Ｖ、Ｘ１２２４Ｋ、Ｘ１２５６ＫおよびＸ１３６２Ｐ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、Ｘは、対応する位置のいずれかのアミノ酸を表す。

【０１３８】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＡ２６２Ｔ、Ｓ２６７Ｇ、Ｋ２９４Ｒ、Ｆ４０５Ｉ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４Ｉ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｎ１２２４Ｋ、Ｑ１２５６ＫおよびＬ１３６２Ｐ、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異

、からなる群から選択される少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＥ１２１９Ｖ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。

【０１３９】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ４８０Ｋ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＥ４８０Ｋ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。

【０１４０】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＸ５４３Ｄ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＥ５４３Ｄ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。

【０１４１】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、以下からなる群から選択される変異の組合せを含む：配列番号９に示されるアミノ酸配列の、（Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３ＤおよびＸ１２１９Ｖ）、（Ｘ２６２Ｔ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ）、（Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ１２１９Ｖ、Ｘ１２５６ＫおよびＸ１３６２Ｐ）、（Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ１２１９ＶおよびＸ１２５６Ｋ）、（Ｘ２６７Ｇ、Ｘ２９４Ｒ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ１２１９Ｖ、Ｘ１２２４ＫおよびＸ１２５６Ｋ）、ならびに（Ｘ２６２Ｔ、Ｘ４０５Ｉ、Ｘ４０９Ｉ、Ｘ４８０Ｋ、Ｘ５４３Ｄ、Ｘ６９４ＩおよびＸ１２１９Ｖ）、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、以下からなる群から選択される変異の組合せを含む：配列番号９に示されるアミノ酸配列の、（Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３ＤおよびＥ１２１９Ｖ）、（Ａ２６２Ｔ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩおよびＥ１２１９Ｖ）、（Ｋ２９４Ｒ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｑ１２５６ＫおよびＬ１３６２Ｐ）、（Ｋ２９４Ｒ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９ＶおよびＱ１２５６Ｋ）、（Ｓ２６７Ｇ、Ｋ２９４Ｒ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９Ｖ、Ｎ１２２４ＫおよびＱ１２５６Ｋ）ならびに（Ａ２６２Ｔ、Ｆ４０５Ｉ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩおよびＥ１２１９Ｖ）、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異。

【０１４２】

いくつかの態様において、ＨＮＨドメインのアミノ酸配列は、配列番号２、４または９のいずれかのＨＮＨドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号２、４または９のいずれかのＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミ

ノ酸配列のＤ１０Ａおよび／またはＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０ＡおよびＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。

【０１４３】

本発明の開示のいくつかの側面は、配列番号９により示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセントの同一性を有するアミノ酸配列を含み、配列番号９のＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む組み換えＣａｓ９蛋白質の提供に関し、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基２６２、２６７、２９４、４０５、４０９、４８０、５４３、６９４、１２１９、１２２４、１２５６および１３６２からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でなく、組み換えＣａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する増加した活性を示す。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号２、４または９のいずれかのＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０ＡおよびＨ８４０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。

【０１４４】

本発明の開示のいくつかの側面は、配列番号９により示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセントの同一性を有するアミノ酸配列を含み、配列番号９のＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含む組み換えＣａｓ９蛋白質の提供に関し、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基２６２、２６７、２９４、４０５、４０９、４８０、５４３、６９４、１２１９、１２２４、１２５６および１３６２からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でなく、組み換えＣａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する増加した活性を示す。いくつかの態様において、ＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列は、配列番号２、４または９のいずれかのＲｕｖＣドメインのアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９はさらに、配列番号９に示される位置８４０においてヒスチジン残基を含むか、または、配列番号１０～２６２に示されるアミ

ノ酸配列のいずれかにおいて対応するヒスチジン残基を含む。いかなる特定の理論にも拘束されないが、触媒的残基Ｈ８４０の存在により、Ｃａｓ９による、非標的鎖（すなわちｓｇＲＮＡにより結合される鎖）の切断が可能となる。いくつかの態様において、配列番号９に示されるアミノ酸配列の位置８４０、または配列番号１０－２６２に示される対応するアミノ酸配列中の位置に、ヒスチジン以外のアミノ酸残基を有するＣａｓ９は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基８４０、または配列番号１０－２６２に示される対応するアミノ酸配列中の位置が、ヒスチジンに変更または変異されてもよい。

【０１４５】

Ｃａｓ９融合蛋白質

本発明の開示のいくつかの側面は、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質を含む融合蛋白質の提供に関し、当該Ｃａｓ９蛋白質は、第２の蛋白質または「融合パートナー」（例えばエフェクタードメイン）と融合することにより、融合蛋白質を形成する。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、Ｃａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、Ｃａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質およびエフェクタードメインは、リンカーを介して相互に融合する。リンカーを使用して、またはリンカーを使用せずに、本発明の開示に係る融合蛋白質を作製するための好適なストラテジーは、本明細書の記載および当分野の技術的知識に鑑み、当業者にとり自明である。例えばGilbert et al, CRISPR-mediated modular RNA-guided regulation of transcription in eukaryotes. Cell. 2013; 154(2): 442-51では、リンカーとして２つのＮＬＳ（ＳＰＫＫＫＲＫＶＥＡＳ、配列番号２８４）を用いた、Ｃａｓ９のＶＰ６４とのＣ末端融合体が転写活性化に使用できることを示している。Mali et al, CAS9 transcriptional activators for target specificity screening and paired nickases for cooperative genome engineering. Nat Biotechnol. 2013; 31(9): 833-8は、リンカーを用いない、ＶＰ６４とのＣ末端融合体が転写活性化に使用できることを報告している。また、Maeder et al, CRISPR RNA-guided activation of endogenous human genes.Nat Methods. 2013; 10: 977-979は、Ｇｌｙ４Ｓｅｒ（配列番号５）リンカーを用いたＶＰ６４とのＣ末端融合体が、転写アクチベーターとして使用できることを報告している。近年では、ｄＣａｓ９－ＦｏｋＩヌクレアーゼ融合体の作製に成功し、それは親のＣａｓ９酵素と比較し改良された酵素特異性を示すことが報告されている（Guilinger JP, Thompson DB, Liu DR. Fusion of catalytically inactive Cas9 to FokI nuclease improves the specificity of genome modification. Nat. Biotechnol. 2014; 32(6): 577-82、およびTsai SQ, Wyvekens N, Khayter C, Foden JA, Thapar V, Reyon D, Goodwin MJ, Aryee MJ, Joung JK. Dimeric CRISPR RNA-guided FokI nucleases for highly specific genome editing. Nat Biotechnol. 2014; 32(6): 569-76を参照。ＰＭＩＤ：２４７７０３２５　ＳＧＳＥＴＰＧＴＳＥＳＡＴＰＥＳ（配列番号７）、またはＧＧＧＧＳｎ（配列番号５）リンカーが、ＦｏｋＩ－ｄＣａｓ９融合蛋白質において、それぞれで用いられている）。いくつかの態様において、リンカーは、（ＧＧＧＧＳ）ｎ（配列番号５）、（Ｇ）ｎ、（ＥＡＡＡＫ）ｎ（配列番号６）、（ＧＧＳ）ｎ、ＳＧＳＥＴＰＧＴＳＥＳＡＴＰＥＳ（配列番号７）または（ＸＰ）ｎモチーフ、またはこれらのいずれかの組合せを含み、ｎは独立に１～３０の整数である。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、酵素ドメインを含む。好適なエフェクタードメインとしては、ヌクレアーゼ、ニッカーゼ、リコンビナーゼ、デアミナーゼ、メチルトランスフェラーゼ、メチラーゼ、アセチラーゼ、アセチルトランスフェラーゼ、転写アクチベーターおよび転写リプレッサーが挙げられるが、これらに限定されない。

【０１４６】

リンカーは１個の共有結合でもよく、または多くの原子からなる重合リンカーでもよい。特定の態様において、リンカーは、ポリペプチドまたはアミノ酸をベースとするものである。他の態様において、リンカーは、ペプチド様のものでない。特定の態様において、リンカーは、共有結合（例えば炭素－炭素結合、ジスルフィド結合、炭素－ヘテロ原子結

合など）である。特定の態様において、リンカーは、アミド結合による炭素－窒素結合である。特定の態様において、リンカーは、環式または非環式の、置換または非置換の、分岐状または非分岐状の脂肪族またはヘテロ脂肪族リンカーである。特定の態様において、リンカーは、重合体（例えばポリエチレン、ポリエチレングリコール、ポリアミド、ポリエステルなど）である。特定の態様において、リンカーは、アミノアルカン酸のモノマー、ダイマーまたはポリマーを含む。特定の態様において、リンカーは、アミノアルカン酸の（例えばグリシン、エタン酸、アラニン、βアラニン、３－アミノプロパン酸、４－アミノブタン酸、５－ペンタン酸など）を含む。特定の態様において、リンカーは、アミノヘキサン酸（Ａｈｘ）のモノマー、ダイマーまたはポリマーを含む。特定の態様において、リンカーは、炭素環式部分（例えばシクロペンタン、シクロヘキサン）をベースとするものである。他の態様において、リンカーは、ポリエチレングリコール部分（ＰＥＧ）を含む。他の態様において、リンカーは、アミノ酸を含む。特定の態様において、リンカーは、ペプチドを含む。特定の態様において、リンカーは、アリールまたはヘテロアリール部分を含む。特定の態様において、リンカーは、フェニル環をベースとする。リンカーは、官能化部分を含むことで、ペプチド由来の求核種（例えばチオール、アミノ基）のリンカーへの結合を促進するものでもよい。いずれかの求電子種を用いてリンカーの一部としてもよい。例示的な親電子種としては、活性化エステル、活性化アミド、マイケルアクセプター、ハロゲン化アルキル、ハロゲン化アリール、ハロゲン化アシルおよびイソチオシアネートが挙げられるが、これらに限定されない。

【０１４７】

いくつかの態様において、エフェクタードメインは、エフェクター酵素を含む。本発明の開示に従い使用できる好適なエフェクター酵素としては、ヌクレアーゼ、ニッカーゼ、リコンビナーゼおよびデアミナーゼが挙げられる。しかしながら、さらなるエフェクター酵素も当業者にとり自明であり、本発明の範囲内である。他の態様において、エフェクタードメインは、転写活性を調節するドメインを含む。かかる転写調節ドメインは、限定されないが、転写アクチベーターまたは転写リプレッサードメインであってもよい。

【０１４８】

いくつかの態様において、エフェクタードメインは、エフェクタードメインである。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、デアミナーゼドメインである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、シトシンデアミナーゼまたはシチジンデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、アポリポ蛋白質Ｂメッセンジャー ＲＮＡ編集複合体（ＡＰＯＢＥＣ）ファミリーのデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ１デアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ２デアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ３デアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ３Ａデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ３Ｄデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ３Ｅデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ３Ｆデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ３Ｇデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ３Ｈデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ４デアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、活性化誘導デアミナーゼ（ＡＩＤ）である。

【０１４９】

いくつかの態様において、エフェクタードメインは、配列番号２６３～２８１のいずれか１つのデアミナーゼドメインと、少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセントの同一性を有する。

【０１５０】

いくつかの態様において、エフェクタードメインは、ヌクレアーゼドメインである。いくつかの態様において、ヌクレアーゼドメインは、ＦｏｋＩ ＤＮＡ切断ドメインである。いくつかの態様において、本発明の開示は、本発明に係る融合蛋白質の二量体の提供に関し、例えば、融合蛋白質のダイマーは、二量体化したヌクレアーゼドメインを含んでもよい。

【０１５１】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号１０～２６２のいずれかにより示されるＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセント同一であるアミノ酸配列を含み、Ｃａｓ９蛋白質は、ＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含み、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応するアミノ酸残基、からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でない。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９により示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセントの同一性を有するアミノ酸配列を含み、配列番号９のＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含み、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質アミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でなく、組み換えＣａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する活性を示す。

【０１５２】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号１０～２６２のいずれかにより示されるＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９２パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセント、少なくとも９９パーセントまたは少なくとも９９．５パーセント同一であるアミノ酸配列を含み、Ｃａｓ９蛋白質は、ＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含み、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基２６２、２６７、２９４、４０５、４０９、４８０、５４３、６９４、１２１９、１２２４、１２５６および１３６２、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応するアミノ酸残基、からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でない。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９により示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９のアミノ酸配列と少なくとも９０パーセントの同一性を有するアミノ酸配列を含み、配列番号９のＲｕｖＣおよびＨＮＨドメインを含み、Ｃａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のアミノ酸残基２６２、２６７、２９４、４０５、４０９、４８０、５４３、６９４、１２１９、１２２４および１２５６からなる群から選択されるアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異を含み、組み換えＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列は、

天然に存在するＣａｓ９蛋白質のアミノ酸配列と同一でなく、組み換えＣａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるStreptococcus pyogenesのＣａｓ９と比較し、３’末端に古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）を含まない標的配列に対する増加した活性を示す。

【０１５３】

本発明の開示のいくつかの側面は、（ｉ）ヌクレアーゼ不活性Ｃａｓ９蛋白質と、（ｉｉ）エフェクタードメインと、を含む融合蛋白質の提供に関する。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、ＤＮＡ編集ドメインである。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、デアミナーゼ活性を有する。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、デアミナーゼドメインであるか、またはそれを含む。いくつかの態様において、デアミナーゼは、シチジンデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、アポリポ蛋白質Ｂメッセンジャー ＲＮＡ編集複合体（ＡＰＯＢＥＣ）ファミリーのデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、ＡＰＯＢＥＣ１ファミリーのデアミナーゼである。いくつかの態様において、デアミナーゼは、活性化誘導シチジンデアミナーゼ（ＡＩＤ）である。いくつかの核酸編集ドメインならびにかかるドメインを含むＣａｓ９融合蛋白質を、本明細書において詳述する。さらなる好適なエフェクタードメインは、本明細書の開示に基づき当業者にとり自明である。いくつかの態様において、核酸編集ドメインは、ＦｏｋＩヌクレアーゼドメインである。

【０１５４】

本発明の開示は、各種の立体構造のＣａｓ９：エフェクタードメイン融合蛋白質を提供する。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、Ｃａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、エフェクタードメインは、Ｃａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質およびエフェクタードメインは、リンカーを介して融合する。いくつかの態様において、リンカーは、（ＧＧＧＧＳ）$_n$（配列番号５）、（Ｇ）$_n$、（ＥＡＡＡＫ）$_n$（配列番号６）、（ＧＧＳ）$_n$、またはＳＧＳＥＴＰＧＴＳＥＳＡＴＰＥＳ（配列番号７）のモチーフ（全開示内容を参照により本明細書に援用する、Guilinger JP, Thompson DB, Liu DR. Fusion of catalytically inactive Cas9 to FokI nuclease improves the specificity of genome modification. Nat. Biotechnol. 2014; 32(6): 577-82を参照）、または（ＸＰ）$_n$モチーフ、またはこれらのいずれかの組合せを含み、ｎは独立に１～３０の整数である。いくつかの態様において、ｎは独立に１、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または３０であるか、または、１つ以上のリンカーまたは１つ以上のリンカーモチーフが、それらのいずれかの組み合わせにおいて存在する。さらなる好適なリンカーモチーフおよびリンカー構造は、当業者にとり自明である。いくつかの態様において、好適なリンカーのモチーフおよび構造としては、全開示内容を参照により本明細書に援用するChen et al, Fusion protein linkers: property, design and functionality. Adv Drug Deliv Rev. 2013; 65(10): 1357-69に記載のものが挙げられる。さらなる好適なリンカー配列は、本発明の開示および当分野の技術常識に基づき、当業者にとり自明である。

【０１５５】

いくつかの態様において、本発明で提供される例示的なＣａｓ９融合蛋白質の一般構成としては、以下の構造：

［NH_2］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［ＣＯＯＨ］、または、

［NH_2］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［ＣＯＯＨ］であり、

NH_2は融合蛋白質のＮ末端であり、ＣＯＯＨは融合蛋白質のＣ末端である。図１１は、ｓｇＲＮＡとの複合体における、エフェクタードメイン（例えばｒＡＰＯＢＥＣｌ）と融合したＣａｓ９蛋白質、および標的核酸配列に対する結合の概略を示す。

【０１５６】

いくつかの態様において、本発明で提供されている融合蛋白質のいずれも、１以上の核局在化配列（ＮＬＳ）を含んでもよい。本明細書において、核局在化配列は、（例えば核

内輸送を介して）細胞核への蛋白質（例えばＮＬＳを有する本発明で提供される融合蛋白質のいずれか）の輸入を促進するアミノ酸配列を指す。典型的には、ＮＬＳは、蛋白質表面に露出する正荷電のリジンまたはアルギニンの１以上の短いアミノ酸配列を含む。核局在化配列は、従来技術において周知であり、当業者にとり自明である。例えば核局在化配列は、Kalderon D., et al, "A short amino acid sequence able to specify nuclear location". Cell (1984) 39 (3 Pt 2): 499-509、Dingwall C, et al, "The nucleoplasmin nuclear location sequence is larger and more complex than that of SV-40 large T antigen". J Cell Biol. (1988) 107 (3): 841-9、Makkerh LP., et al, "Comparative mutagenesis of nuclear localization signals reveals the importance of neutral and acidic amino acids". Curr Biol. (1996) 6 (8): 1025-7、およびRay M., et al., "Quantitative tracking of protein trafficking to the nucleus using cytosolic protein delivery by nanoparticle-stabilized nanocapsules". Bioconjug. Chem. (2015) 26 (6): 1004-7に記載されており、各々の全開示内容を本明細書において参照により援用する。さらなる核局在化配列は、例えばＰｌａｎｋらの国際特許出願第PCT/EP2000/011690号に記載されており、全開示内容を参照により本明細書に援用する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、アミノ酸配列ＰＫＫＫＲＫＶ（配列番号２９９）またはＭＤＳＬＬＭＮＲＲＫＦＬＹＱＦＫＮＶＲＷＡＫＧＲＲＥＴＹＬＣ（配列番号３００）を含む。

【０１５７】

存在しうる特徴の例は、局在化配列（例えば核局在化配列）、細胞質局在化配列、輸出配列（例えば核外輸送配列）、または他の局在化配列、ならびに、融合蛋白質の可溶化、精製または検出に有用な配列タグである。好適な局在化シグナル配列および蛋白質タグ配列が本明細書において示され、限定されないが、ビオチンカルボキシラーゼキャリアー蛋白質（ＢＣＣＰ）タグ、ｍｙｃタグ、カルモジュリンタグ、ＦＬＡＧタグ、ヘマグルチニン（ＨＡ）タグ、ポリヒスチジンタグ、ヒスチジンもしくはＨｉｓタグ、マルトース結合蛋白質（ＭＢＰ）タグ、ｎｕｓタグ、グルタチオンＳトランスフェラーゼ（ＧＳＴ）タグ、緑色蛍光蛋白質（ＧＦＰ）タグ、チオレドキシンタグ、Ｓタグ、Ｓｏｆｔａｇ（例えばＳｏｆｔａｇ１、Ｓｏｆｔａｇ３）、ｓｔｒｅｐタグ、ビオチンリガーゼタグ、ＦｌＡｓＨタグ、Ｖ５タグおよびＳＢＰタグが挙げられる。さらなる好適な配列は当業者に自明であり、本発明の開示の範囲内である。

【０１５８】

本発明で提供される核局在化配列のいずれも、いずれかの好適な位置において融合蛋白質と融合できる。例えば融合蛋白質の機能を損なうことなく、細胞核への融合蛋白質のトランスロケーションを促進するために行われる。いくつかの態様において、ＮＬＳは、融合蛋白質のＣａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、融合蛋白質のＣａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、融合蛋白質のエフェクタードメインのＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、融合蛋白質のエフェクタードメインのＣ末端に融合する。

【０１５９】

いくつかの態様において、エフェクタードメインは、デアミナーゼである。例えば、いくつかの態様において、デアミナーゼドメインを有する典型的なＣａｓ９融合蛋白質の一般構成としては、以下の構造が挙げられる：

［ＮＨ$_2$］－［ＮＬＳ］－［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］－［ＣＯＯＨ］、
［ＮＨ$_2$］－［ＮＬＳ］－［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］－［ＣＯＯＨ］、
［ＮＨ$_2$］－［Ｃａｓ９］－［ＮＬＳ］－［デアミナーゼ］－［ＣＯＯＨ］、
［ＮＨ$_2$］－［デアミナーゼ］－［ＮＬＳ］－［Ｃａｓ９］－［ＣＯＯＨ］、
［ＮＨ$_2$］－［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］－［ＮＬＳ］－［ＣＯＯＨ］、または
［ＮＨ$_2$］－［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］－［ＮＬＳ］－［ＣＯＯＨ］

ここでＮＬＳは核局在化シグナルであり、ＮＨ$_2$は融合蛋白質のＮ末端であり、ＣＯＯＨは融合蛋白質のＣ末端である。いくつかの態様において、リンカーは、Ｃａｓ９蛋白質と

デアミナーゼドメインとの間に挿入される。いくつかの態様において、「]－[」は、１以上のリンカーであってもよい。いくつかの態様において、ＮＬＳは、デアミナーゼおよび／またはＣａｓ９ドメインのＣ末端に位置する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、デアミナーゼとＣａｓ９ドメインとの間に位置する。さらなる特徴（例えば配列タグ）が存在してもよい。

【０１６０】

好適なタイプのエフェクタードメインの一例には、例えばＡＰＯＢＥＣファミリーのシトシンデアミナーゼが含まれる。シトシンデアミナーゼ酵素の、アポリポ蛋白質Ｂメッセンジャー ＲＮＡ編集複合体（ＡＰＯＢＥＣ）ファミリーには、制御され、有利な態様における変異導入に有用な１１の蛋白質が含まれる（２９）。ファミリーの一員である活性化誘導シチジンデアミナーゼ（ＡＩＤ）は、ｓｓＤＮＡ中のシトシンを、転写依存的に、鎖バイアス的にウラシルに変換することにより、抗体の成熟に関与する（３０）。アポリポ蛋白質Ｂ編集複合体３（ＡＰＯＢＥＣ３）酵素は、特定のＨＩＶ－１株に対して、逆転写されたウイルスｓｓＤＮＡのシトシンの脱アミノを経てヒト細胞を保護する（３１）。これらの蛋白質は、触媒活性のために、Zn^{2+}配位モチーフ（Ｈｉｓ－Ｘ－Ｇｌｕ－$X_{23\sim26}$－Ｐｒｏ－Ｃｙｓ－$X_{2\sim4}$－Ｃｙｓ、配列番号２８３）および結合水分子を全て必要とする。Ｇｌｕ残基は、脱アミノ化反応における求核攻撃のために、水分子を活性化して水酸化亜鉛とする作用を示す。各ファミリーは、ｈＡＩＤではＷＲＣ（ＷはＡまたはＴであり、ＲはＡまたはＧ）から、ｈＡＰＯＢＥＣ３ＦではＴＴＣのように、それら自身の特定の「ホットスポット」を選択的に脱アミノ化する（３２）。ＡＰＯＢＥＣ３Ｇの触媒ドメインに関する近年の結晶構造解析では、６つのαヘリックスに挟まれた５本鎖のαシートコアから構成される二次構造が確認され、それは全てのファミリーにわたり保存されていると考えられている（３３）。活性中心ループは、ｓｓＤＮＡとの結合および「ホットスポット」のアイデンティティの決定の両方に関与することが示されている（３４）。これらの酵素の過剰発現は、ゲノムの不安定性および癌と関連しており、ゆえに配列特異的ターゲティングの重要性を強調するものである（３５）。

【０１６１】

本発明の開示のいくつかの側面は、Ｃａｓ９とデアミナーゼドメイン（例えばＡＰＯＢＥＣ酵素などのシトシンデアミナーゼ酵素またはＡＤＡＴ酵素などのアデノシンデアミナーゼ酵素）との間に融合の系統的シリーズの提供に関し、その作製により、ゲノムＤＮＡ内の特定の部位にこれらのデアミナーゼの酵素活性を作用させることが可能となる。認識剤としてＣａｓ９を使用する利点は、２倍となる：（１）Ｃａｓ９の配列特異性を、単にｓｇＲＮＡ配列を変更することにより容易に変化させることができること、および（２）ｄｓＤＮＡを変性させることによってＣａｓ９がその標的配列と結合し、その結果ＤＮＡが伸展し、それは一本鎖であるため、デアミナーゼのための基質となる。他の触媒ドメインまたは他のデアミナーゼに由来する触媒ドメインを用いてＣａｓ９との融合蛋白質を作製できることは当然のことであり、この点に関して本明細書の開示に限定されないことが理解されよう。

【０１６２】

本発明の開示のいくつかの側面は、ｃａｓ９：デアミナーゼ融合蛋白質が、図１１の付番位置３～１１において、ヌクレオチドを効率的に脱アミノ化することができるという知見に基づくものである。当業者であれば、脱アミノ化ヌクレオチドを含む標的配列に対して融合蛋白質をターゲッティングするために好適なガイドＲＮＡを設計できるのは当然のことである。本明細書に示す、ＰＡＭ依存的なＣａｓ９蛋白質またはＰＡＭのない標的配列を標的とすることができるＣａｓ９蛋白質は、いずれも標的ヌクレオチドの脱アミノ化に使用できる。

【０１６３】

本発明の開示の側面に係るＣａｓ９ドメインと融合できる、いくつかの好適な核酸編集ドメイン（例えばデアミナーゼおよびデアミナーゼドメイン）を以下に示す。典型的には、デアミナーゼは、Zn^{2+}配位モチーフ（Ｈｉｓ－Ｘ－Ｇｌｕ－$X_{23\sim26}$－Ｐｒｏ

－Ｃｙｓ－Ｘ２～４－Ｃｙｓ、配列番号２８３）および触媒活性のための結合水分子を必要とする。Ｇｌｕ残基は、脱アミノ化反応における求核攻撃のために、水分子を活性化して水酸化亜鉛とする作用を示す。いくつかの態様において、それぞれの配列の活性ドメインとして、例えば局在化シグナル（核局在化シグナル、核外輸送シグナルなし、細胞質局在化シグナル）のないドメインを使用できることが理解されよう。

【０１６４】

ヒトＡＩＤ：

【数７】

MDSLLMNRRKFLYQFKNVRWAKGRRETYLCYVVKRRDSATSFSLDFGYLRNKNGC
HVELLFLRYISDWDLDPGRCYRVTWFTSWSPCYDCARHVADFLRGNPNLSLRIFTAR
LYFCEDRKAEPEGLRRLHRAGVQIAIMTFKDYFYCWNTFVENHERTFKAWEGLHEN
SVRLSRQLRRILLPLYEVDDLRDAFRTLGL

（配列番号２６３）（下線：核局在化シグナル；二重下線：核外輸送シグナル）

【０１６５】

マウスＡＩＤ：

【数８】

MDSLLMKQKKFLYHFKNVRWAKGRHETYLCYVVKRRDSATSCSLDFGHLRNKSGC
HVELLFLRYISDWDLDPGRCYRVTWFTSWSPCYDCARHVAEFLRWNPNLSLRIFTAR
LYFCEDRKAEPEGLRRLHRAGVQIGIMTFKDYFYCWNTFVENRERTFKAWEGLHEN
SVRLTRQLRRILLPLYEVDDLRDAFRMLGF

（配列番号２６４）（下線：核局在化シグナル；二重下線：核外輸送シグナル）

【０１６６】

イヌＡＩＤ：

【数９】

MDSLLMKQRKFLYHFKNVRWAKGRHETYLCYVVKRRDSATSFSLDFGHLRNKSGC
HVELLFLRYISDWDLDPGRCYRVTWFTSWSPCYDCARHVADFLRGYPNLSLRIFAAR
LYFCEDRKAEPEGLRRLHRAGVQIAIMTFKDYFYCWNTFVENREKTFKAWEGLHEN
SVRLSRQLRRILLPLYEVDDLRDAFRTLGL

（配列番号２６５）（下線：核局在化シグナル；二重下線：核外輸送シグナル）

【０１６７】

ウシＡＩＤ：

【数１０】

MDSLLKKQRQFLYQFKNVRWAKGRHETYLCYVVKRRDSPTSFSLDFGHLRNKAGC
HVELLFLRYISDWDLDPGRCYRVTWFTSWSPCYDCARHVADFLRGYPNLSLRIFTAR
LYFCDKERKAEPEGLRRLHRAGVQIAIMTFKDYFYCWNTFVENHERTFKAWEGLHE
NSVRLSRQLRRILLPLYEVDDLRDAFRTLGL

（配列番号２６６）（下線：核局在化シグナル；二重下線：核外輸送シグナル）

【０１６８】

マウスＡＰＯＢＥＣ－３：
【数１１】
MGPFCLGCSHRKCYSPIRNLISQETFKFHFKNLGYAKGRKDTFLCYEVTRKDCDSPV
SLHHGVFKNKDNI*HAEICFLYWFHDKVLKVLSPREEFKITWYMSWSPCFEC*AEQIVRFL
ATHHNLSLDIFSSRLYNVQDPETQQNLCRLVQEGAQVAAMDLYEFKKCWKKFVDN
GGRRFRPWKRLLTNFRYQDSKLQEILRPCYIPVPSSSSSTLSNICLTKGLPETRFCVEG
RRMDPLSEEEFYSQFYNQRVKHLCYYHRMKPYLCYQLEQFNGQAPLKGCLLSEKGK
Q*HAEILFLDKIRSMELSQVTITCYLTWSPCPNC*AWQLAAFKRDRPDLILHIYTSRLYFHW
KRPFQKGLCSLWQSGILVDVMDLPQFTDCWTNFVNPKRPFWPWKGLEIISRRTQRRL
RRIKESWGLQDLVNDFGNLQLGPPMS

（配列番号２６７）（斜字体：核酸編集ドメイン）
【０１６９】
ラットＡＰＯＢＥＣ－３：
【数１２】
MGPFCLGCSHRKCYSPIRNLISQETFKFHFKNLRYAIDRKDTFLCYEVTRKDCDSPVS
LHHGVFKNKDNI*HAEICFLYWFHDKVLKVLSPREEFKITWYMSWSPCFEC*AEQVLRFLA
THHNLSLDIFSSRLYNIRDPENQQNLCRLVQEGAQVAAMDLYEFKKCWKKFVDNGG
RRFRPWKKLLTNFRYQDSKLQEILRPCYIPVPSSSSSTLSNICLTKGLPETRFCVERRR
VHLLSEEEFYSQFYNQRVKHLCYYHGVKPYLCYQLEQFNGQAPLKGCLLSEKGKQ*H*
*AEILFLDKIRSMELSQVIITCYLTWSPCPNC*AWQLAAFKRDRPDLILHIYTSRLYFHWKR
PFQKGLCSLWQSGILVDVMDLPQFTDCWTNFVNPKRPFWPWKGLEIISRRTQRRLHR
IKESWGLQDLVNDFGNLQLGPPMS

（配列番号２６８）（斜字体：核酸編集ドメイン）
【０１７０】
Rhesus macaque ＡＰＯＢＥＣ－３Ｇ：
【数１３】
MVEPMDPRTFVSNFNNRPILSGLNTVWLCCEVKTKDPSGPPLDAKIFQGKVYSKAKY
*HPEMRFLRWFHKWRQLHHDQEYKVTWYVSWSPCTRC*ANSVATFLAKDPKVTLTIFVA
RLYYFWKPDYQQALRILCQKRGGPHATMKIMNYNEFQDCWNKFVDGRGKPFKPRN
NLPKHYTLLQATLGELLRHLMDPGTFTSNFNNKPWVSGQHETYLCYKVERLHNDT
WVPLNQHRGFLRNQAPNIHGFPKGR*HAELCFLDLIPFWKLDGQQYRVTCFTSWSPCFS*
*C*AQEMAKFISNNEHVSLCIFAARIYDDQGRYQEGLRALHRDGAKIAMMNYSEFEYC
WDTFVDRQGRPFQPWDGLDEHSQALSGRLRAI

（配列番号２６９）（斜字体：核酸編集ドメイン；下線：細胞質局在化シグナル）
【０１７１】
チンパンジーＡＰＯＢＥＣ－３Ｇ：
【数１４】

MKPHFRNPVERMYQDTFSDNFYNRPILSHRNTVWLCYEVKTKGPSRPPLDAKIFRGQ
VYSKLKY*HPEMRFFHWFSKWRKLHRDQEYEVTWYISWSPCTKC*TRDVATFLAEDPKV
TLTIFVARLYYFWDPDYQEALRSLCQKRDGPRATMKIMNYDEFQHCWSKFVYSQRE
LFEPWNNLPKYYILLHIMLGEILRHSMDPPTFTSNFNNELWVRGRHETYLCYEVERL
HNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLEGR*HAELCFLDVIPFWKLDLHQDYRVTCFTS*
*WSPCFSC*AQEMAKFISNNKHVSLCIFAARIYDDQGRCQEGLRTLAKAGAKISIMTYSE
FKHCWDTFVDHQGCPFQPWDGLEEHSQALSGRLRAILQNQGN

（配列番号２７０）（斜字体：核酸編集ドメイン；下線：細胞質局在化シグナル）

【０１７２】

ミドリザルＡＰＯＢＥＣ－３Ｇ：

【数１５】

MNPQIRNMVEQMEPDIFVYYFNNRPILSGRNTVWLCYEVKTKDPSGPPLDANIFQGK
LYPEAKD*HPEMKFLHWFRKWRQLHRDQEYEVTWYVSWSPCTRC*ANSVATFLAEDPKV
TLTIFVARLYYFWKPDYQQALRILCQERGGPHATMKIMNYNEFQHCWNEFVDGQG
KPFKPRKNLPKHYTLLHATLGELLRHVMDPGTFTSNFNNKPWVSGQRETYLCYKVE
RSHNDTWVLLNQHRGFLRNQAPDRHGFPKGR*HAELCFLDLIPFWKLDDQQYRVTCFT*
*SWSPCFSC*AQKMAKFISNNKHVSLCIFAARIYDDQGRCQEGLRTLHRDGAKIAVMNY
SEFEYCWDTFVDRQGRPFQPWDGLDEHSQALSGRLRAI

（配列番号２７１）（斜字体：核酸編集ドメイン；下線：細胞質局在化シグナル）

【０１７３】

ヒトＡＰＯＢＥＣ－３Ｇ：

【数１６－１】

MKPHFRNTVERMYRDTFSYNFYNRPILSRRNTVWLCYEVKTKGPSRPPLDAKIFRGQ
VYSELKY*HPEMRFFHWFSKWRKLHRDQEYEVTWYISWSPCTKC*TRDMATFLAEDPKV

【数１６－２】

TLTIFVARLYYFWDPDYQEALRSLCQKRDGPRATMKIMNYDEFQHCWSKFVYSQRE
LFEPWNNLPKYYILLHIMLGEILRHSMDPPTFTFNFNNEPWVRGRHETYLCYEVERM
HNDTWVLLNQRRGFLCNQAPHKHGFLEGR*HAELCFLDVIPFWKLDLDQDYRVTCFTS*
*WSPCFSC*AQEMAKFISKNKHVSLCIFTARIYDDQGRCQEGLRTLAEAGAKISIMTYSE
FKHCWDTFVDHQGCPFQPWDGLDEHSQDLSGRLRAILQNQEN

（配列番号２７２）（斜字体：核酸編集ドメイン；下線：細胞質局在化シグナル）

【０１７４】

ヒトＡＰＯＢＥＣ－３Ｆ：

【数１７】

MKPHFRNTVERMYRDTFSYNFYNRPILSRRNTVWLCYEVKTKGPSRPRLDAKIFRGQ
VYSQPEH*HAEMCFLSWFCGNQLPAYKCFQITWFVSWTPCPDC*VAKLAEFLAEHPNVTL
TISAARLYYYWERDYRRALCRLSQAGARVKIMDDEEFAYCWENFVYSEGQPFMPW
YKFDDNYAFLHRTLKEILRNPMEAMYPHIFYFHFKNLRKAYGRNESWLCFTMEVVK
HHSPVSWKRGVFRNQVDPETHC*HAERCFLSWFCDDILSPNTNYEVTWYTSWSPCPEC*A
GEVAEFLARHSNVNLTIFTARLYYFWDTDYQEGLRSLSQEGASVEIMGYKDFKYCW
ENFVYNDDEPFKPWKGLKYNFLFLDSKLQEILE

（配列番号２７３）（斜字体：核酸編集ドメイン）

【０１７５】

ヒトＡＰＯＢＥＣ－３Ｂ：

【数１８】

MNPQIRNPMERMYRDTFYDNFENEPILYGRSYTWLCYEVKIKRGRSNLLWDTGVFR
GQVYFKPQY*HAEMCFLSWFCGNQLPAYKCFQITWFVSWTPCPDC*VAKLAEFLSEHPN
VTLTISAARLYYYWERDYRRALCRLSQAGARVTIMDYEEFAYCWENFVYNEGQQF
MPWYKFDENYAFLHRTLKEILRYLMDPDTFTFNFNNDPLVLRRRQTYLCYEVERLD
NGTWVLMDQHMGFLCNEAKNLLCGFY*GRHAELRFLDLVPSLQLDPAQIYRVTWFISWS*
*PCFSWGC*AGEVRAFLQENTHVRLRIFAARIYDYDPLYKEALQMLRDAGAQVSIMTY
DEFEYCWDTFVYRQGCPFQPWDGLEEHSQALSGRLRAILQNQGN

（配列番号２７４）（斜字体：核酸編集ドメイン）

【０１７６】

ヒトＡＰＯＢＥＣ－３Ｃ：

【数１９】

MNPQIRNPMKAMYPGTFYFQFKNLWEANDRNETWLCFTVEGIKRRSVVSWKTGVF
RNQVDSETH*CHAERCFLSWFCDDILSPNTKYQVTWYTSWSPCPDC*AGEVAEFLARHSN
VNLTIFTARLYYFQYPCYQEGLRSLSQEGVAVEIMDYEDFKYCWENFVYNDNEPFKP
WKGLKTNFRLLKRRLRESLQ

（配列番号２７５）（斜字体：核酸編集ドメイン）

【０１７７】

ヒトＡＰＯＢＥＣ－３Ａ：

【数２０】

MEASPASGPRHLMDPHIFTSNFNNGIGRHKTYLCYEVERLDNGTSVKMDQHRGFLH
NQAKNLLCGFYGR*HAELRFLDLVPSLQLDPAQIYRVTWFISWSPCFSWGC*AGEVRAFLQ
ENTHVRLRIFAARIYDYDPLYKEALQMLRDAGAQVSIMTYDEFKHCWDTFVDHQGC
PFQPWDGLDEHSQALSGRLRAILQNQGN

（配列番号２７６）（斜字体：核酸編集ドメイン）

【０１７８】

ヒトＡＰＯＢＥＣ－３Ｈ：
【数２１】
MALLTAETFRLQFNNKRRLRRPYYPRKALLCYQLTPQNGSTPTRGYFENKKKC*HAEI*
*CFINEIKSMGLDETQCYQVTCYLTWSPCSSC*AWELVDFIKAHDHLNLGIFASRLYYHWC
KPQQKGLRLLCGSQVPVEVMGFPKFADCWENFVDHEKPLSFNPYKMLEELDKNSRA
IKRRLERIKIPGVRAQGRYMDILCDAEV

（配列番号２７７）（斜字体：核酸編集ドメイン）
【０１７９】
ヒトＡＰＯＢＥＣ－３Ｄ：
【数２２】
MNPQIRNPMERMYRDTFYDNFENEPILYGRSYTWLCYEVKIKRGRSNLLWDTGVFR
GPVLPKRQSNHRQEVYFRFEN*HAEMCFLSWFCGNRLPANRRFQITWFVSWNPCLPC*VV
KVTKFLAEHPNVTLTISAARLYYYRDRDWRWVLLRLHKAGARVKIMDYEDFAYCW
ENFVCNEGQPFMPWYKFDDNYASLHRTLKEILRNPMEAMYPHIFYFHFKNLLKACG
RNESWLCFTMEVTKHHSAVFRKRGVFRNQVDPETHC*HAERCFLSWFCDDILSPNTNY*
*EVTWYTSWSPCPEC*AGEVAEFLARHSNVNLTIFTARLCYFWDTDYQEGLCSLSQEGAS
VKIMGYKDFVSCWKNFVYSDDEPFKPWKGLQTNFRLLKRRLREILQ

（配列番号２７８）（斜字体：核酸編集ドメイン）
【０１８０】
ヒトＡＰＯＢＥＣ－１：
MTSEKGPSTGDPTLRRRIEPWEFDVFYDPRELRKEACLLYEIKWGMSRKIWRSSGKNTTN
HVEVNFIKKFTSERDFHPSMSCSITWFLSWSPCWECSQAIREFLSRHPGVTLVIYVARLF
WHMDQQNRQGLRDLVNSGVTIQIMRASEYYHCWRNFVNYPPGDEAHWPQYPPLWMM
LYALELHCIILSLPPCLKISRRWQNHLTFFRLHLQNCHYQTIPPHILLATGLIHPSVAWR
（配列番号２７９）
【０１８１】
マウスＡＰＯＢＥＣ－１：
MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELRKETCLLYEINWGGRHSVWRHTSQNTSN
HVEVNFLEKFTTERYFRPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRHPYVTLFIYIARLYH
HTDQRNRQGLRDLISSGVTIQIMTEQEYCYCWRNFVNYPPSNEAYWPRYPHLWVKLYV
LELYCIILGLPPCLKILRRKQPQLTFFTITLQTCHYQRIPPHLLWATGLK（配列番号２８０
）
【０１８２】
ラットＡＰＯＢＥＣ－１：
MSSETGPVAVDPTLRRRIEPHEFEVFFDPRELRKETCLLYEINWGGRHSIWRHTSQNTNK
HVEVNFIEKFTTERYFCPNTRCSITWFLSWSPCGECSRAITEFLSRYPHVTLFIYIARLYHH
ADPRNRQGLRDLISSGVTIQIMTEQESGYCWRNFVNYSPSNEAHWPRYPHLWVRLYVLE
LYCIILGLPPCLNILRRKQPQLTFFTIALQSCHYQRLPPHILWATGLK（配列番号２８１）
【０１８３】
いくつかの態様において、本明細書に示す融合蛋白質は、エフェクタードメイン（例えば上記で示される配列のいずれか）の全長アミノ酸を含む。しかしながら、他の態様において、本明細書に示す融合蛋白質は、エフェクタードメインの全長配列でなく、その断片のみを含む。例えば、いくつかの態様において、本発明で提供される融合蛋白質は、Ｃａ

ｓ９蛋白質と、エフェクタードメインの断片と、を含み、当該断片は、エフェクタードメインを含む。エフェクタードメインのアミノ酸配列の例を、上記の配列中イタリック体文字として示すが、かかるドメインのさらなる好適な配列は、当業者にとり自明である。

【０１８４】

本発明の開示の側面に従い使用できる、例えばヌクレアーゼ不活性Ｃａｓ９蛋白質と融合できるさらなる好適な核酸編集ドメイン（例えばデアミナーゼドメイン配列）は、本発明の開示に基づき当業者にとり自明である。いくつかの態様において、かかるさらなるドメイン配列には、本明細書に示す配列と、少なくとも７０パーセント、少なくとも７５パーセント、少なくとも８０パーセント、少なくとも８５パーセント、少なくとも９０パーセント、少なくとも９５パーセント、少なくとも９６パーセント、少なくとも９７パーセント、少なくとも９８パーセントまたは少なくとも９９パーセントの類似性を有するデアミナーゼドメイン配列が含まれる。さらなる好適なＣａｓ９蛋白質、変異体および配列は、当業者にとり自明である。かかるさらなる好適なＣａｓ９蛋白質の例としては、限定されないが、以下の変異を有するＣａｓ９蛋白質が挙げられる：Ｄ１０Ａ、Ｄ１０Ａ／Ｄ８３９Ａ／Ｈ８４０ＡおよびＤ１０Ａ／Ｄ８３９Ａ／Ｈ８４０Ａ／Ｎ８６３Ａ（例えば、全開示内容を参照により本明細書に援用する、Prashant et al, CAS9 transcriptional activators for target specificity screening and paired nickases for cooperative genome engineering. Nature Biotechnology. 2013; 31(9): 833-838を参照。

【０１８５】

Ｃａｓ９蛋白質およびエフェクタードメイン（例えばＤＮＡ編集ドメイン）を含む融合蛋白質を作製するためのさらなる好適なストラテジーは、本発明の開示に基づき、技術常識と組み合わせることにより、当業者にとり自明である。リンカーを使用して、またはリンカーを使用せずに、本発明の開示に係る融合蛋白質を作製するための好適なストラテジーは、本明細書の記載および当分野の技術的知識に鑑み、当業者にとり自明である。例えばGilbert et al, CRISPR-mediated modular RNA-guided regulation of transcription in eukaryotes. 2013; 154(2): 442-51では、リンカーとして２つのＮＬＳ（ＳＰＫＫＫＲＫＶＥＡＳ、配列番号２８４）を用いた、Ｃａｓ９のＶＰ６４とのＣ末端融合体が転写活性化に使用できることを示している。Mali et al, Cas9 transcriptional activators for target specificity screening and paired nickases for cooperative genome engineering. Nat Biotechnol. 2013; 31(9): 833-8は、リンカーを用いない、ＶＰ６４とのＣ末端融合体が転写活性化に使用できることを報告している。また、Maeder et al, CRISPR RNA-guided activation of endogenous human genes.Nat Methods. 2013; 10: 977-979は、Ｇｌｙ４Ｓｅｒ（配列番号５）リンカーを用いたＶＰ６４とのＣ末端融合体が、転写アクチベーターとして使用できることを報告している。近年では、ｄＣａｓ９－ＦｏｋＩヌクレアーゼ融合体の作製に成功し、それは親のＣａｓ９酵素と比較し改良された酵素特異性を示すことが報告されている（Guilinger JP, Thompson DB, Liu DR.Fusion of catalytically inactive Cas9 to FokI nuclease improves the specificity of genome modification.Nat. Biotechnol. 2014; 32(6): 577-82、およびTsai SQ, Wyvekens N, Khayter C, Foden JA, Thapar V, Reyon D, Goodwin MJ, Aryee MJ, Joung JK.Dimeric CRISPR RNA-guided FokI nucleases for highly specific genome editing.Nat. Biotechnol. 2014; 32(6): 569-76、およびＰＭＩＤ：２４７７０３２５　ＳＧＳＥＴＰＧＴＳＥＳＡＴＰＥＳ（配列番号７）、またはＧＧＧＧＳ（配列番号５）リンカーが、ＦｏｋＩ－ｄＣａｓ９融合蛋白質において、それぞれで用いられている）。

【０１８６】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９融合蛋白質は、以下を含む：（ｉ）Ｃａｓ９蛋白質、および（ｉｉ）転写アクチベータードメイン。いくつかの態様において、転写アクチベータードメインは、ＶＰＲを含む。ＶＰＲは、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡ三要素アクチベーターである。

いくつかの態様において、ＶＰＲは、配列番号２９２の核酸配列：GAGGCCAGCGGTTCC

GGACGGGCTGACGCATTGGACGATTTTGATCTGGATATGCTGGGAAGTGACGCCCTCGA
TGATTTTGACCTTGACATGCTTGGTTCGGATGCCCTTGATGACTTTGACCTCGACATGC
TCGGCAGTGACGCCCTTGATGATTTCGACCTGGACATGCTGATTAACTCTAGATAG（配列番号２９２）によってコードされるＶＰ６４アミノ酸配列を含む。

【０１８７】

いくつかの態様において、ＶＰＲは、配列番号２９３：EASGSGRADALDDFDLDMLGS
DALDDFDLDMLGSDALDDFDLDMLGSDALDDFDLDMLINSR（配列番号２９３）に示すＶＰ６４アミノ酸配列を含む。

【０１８８】

いくつかの態様において、ＶＰＲは、配列番号２９４：

TCGCCAGGGATCCGTCGACTTGACGCGTTGATATCAACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGG
CTACAAAGAGGCCAGCGGTTCCGGACGGGCTGACGCATTGGACGATTTTGATCTGGATA
TGCTGGGAAGTGACGCCCTCGATGATTTTGACCTTGACATGCTTGGTTCGGATGCCCTT
GATGACTTTGACCTCGACATGCTCGGCAGTGACGCCCTTGATGATTTCGACCTGGACAT
GCTGATTAACTCTAGAAGTTCCGGATCTCCGAAAAAGAAACGCAAAGTTGGTAGCCAGT
ACCTGCCCGACACCGACGACCGGCACCGGATCGAGGAAAAGCGGAAGCGGACCTACGAG
ACATTCAAGAGCATCATGAAGAAGTCCCCCTTCAGCGGCCCCACCGACCCTAGACCTCC
ACCTAGAAGAATCGCCGTGCCCAGCAGATCCAGCGCCAGCGTGCCAAAACCTGCCCCCC
AGCCTTACCCCTTCACCAGCAGCCTGAGCACCATCAACTACGACGAGTTCCCTACCATG
GTGTTCCCCAGCGGCCAGATCTCTCAGGCCTCTGCTCTGGCTCCAGCCCCTCCTCAGGT
GCTGCCTCAGGCTCCTGCTCCTGCACCAGCTCCAGCCATGGTGTCTGCACTGGCTCAGG
CACCAGCACCCGTGCCTGTGCTGGCTCCTGGACCTCCACAGGCTGTGGCTCCACCAGCC
CCTAAACCTACACAGGCCGGCGAGGGCACACTGTCTGAAGCTCTGCTGCAGCTGCAGTT
CGACGACGAGGATCTGGGAGCCCTGCTGGGAAACAGCACCGATCCTGCCGTGTTCACCG
ACCTGGCCAGCGTGGACAACAGCGAGTTCCAGCAGCTGCTGAACCAGGGCATCCCTGTG
GCCCCTCACACCACCGAGCCCATGCTGATGGAATACCCCGAGGCCATCACCCGGCTCGT
GACAGGCGCTCAGAGGCCTCCTGATCCAGCTCCTGCCCCTCTGGGAGCACCAGGCCTGC
CTAATGGACTGCTGTCTGGCGACGAGGACTTCAGCTCTATCGCCGATATGGATTTCTCA
GCCTTGCTGGGCTCTGGCAGCGGCAGCCGGGATTCCAGGGAAGGGATGTTTTTGCCGAA
GCCTGAGGCCGGCTCCGCTATTAGTGACGTGTTTGAGGGCCGCGAGGTGTGCCAGCCAA
AACGAATCCGGCCATTTCATCCTCCAGGAAGTCCATGGGCCAACCGCCCACTCCCCGCC
AGCCTCGCACCAACACCAACCGGTCCAGTACATGAGCCAGTCGGGTCACTGACCCCGGC
ACCAGTCCCTCAGCCACTGGATCCAGCGCCCGCAGTGACTCCCGAGGCCAGTCACCTGT
TGGAGGATCCCGATGAAGAGACGAGCCAGGCTGTCAAAGCCCTTCGGGAGATGGCCGAT
ACTGTGATTCCCCAGAAGGAAGAGGCTGCAATCTGTGGCCAAATGGACCTTTCCCATCC
GCCCCCAAGGGGCCATCTGGATGAGCTGACAACCACACTTGAGTCCATGACCGAGGATC
TGAACCTGGACTCACCCCTGACCCCGGAATTGAACGAGATTCTGGATACCTTCCTGAAC
GACGAGTGCCTCTTGCATGCCATGCATATCAGCACAGGACTGTCCATCTTCGACACATC
TCTGTTTTGA（配列番号２９４）の核酸配列によってコードされるＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡアミノ酸配列を含む。

【０１８９】

いくつかの態様において、ＶＰＲは、配列番号２９５：

SPGIRRLDALISTSLYKKAGYKEASGSGRADALDDFDLDMLGSDALDDFDLDMLGSDALD
DFDLDMLGSDALDDFDLDMLINSRSSGSPKKKRKVGSQYLPDTDDRHRIEEKRKRTYETF
KSIMKKSPFSGPTDPRPPPRRIAVPSRSSASVPKPAPQPYPFTSSLSTINYDEFPTMVFPSG
QISQASALAPAPPQVLPQAPAPAPAPAMVSALAQAPAPVPVLAPGPPQAVAPPAPKPTQ
AGEGTLSEALLQLQFDDEDLGALLGNSTDPAVFTDLASVDNSEFQQLLNQGIPVAPHTTE
PMLMEYPEAITRLVTGAQRPPDPAPAPLGAPGLPNGLLSGDEDFSSIADMDFSALLGSGS
GSRDSREGMFLPKPEAGSAISDVFEGREVCQPKRIRPFHPPGSPWANRPLPASLAPTPTG
PVHEPVGSLTPAPVPQPLDPAPAVTPEASHLLEDPDEETSQAVKALREMADTVIPQKEEA

AICGQMDLSHPPPRGHLDELTTTLESMTEDLNLDSPLTPELNEILDTFLNDECLLHAMHI
STGLSIFDTSLF（配列番号２９５）に示すＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡアミノ酸配列を含む。

【０１９０】

本発明の開示のいくつかの側面は、転写アクチベーターを含む融合蛋白質の提供に関する。いくつかの態様において、転写アクチベーターは、ＶＰＲである。いくつかの態様において、ＶＰＲは野生型ＶＰＲまたは配列番号２９３に記載のＶＰＲを含む。いくつかの態様において、本発明で提供されるＶＰＲ蛋白質には、ＶＰＲの断片、ならびにＶＰＲまたはＶＰＲ断片と相同な蛋白質が含まれる。例えば、いくつかの態様において、ＶＰＲは、配列番号２９３に記載されるアミノ酸配列の断片を含む。いくつかの態様において、ＶＰＲは、配列番号２９３に記載されるアミノ酸配列と相同なアミノ酸配列、または、配列番号２９３に記載されるアミノ酸配列の断片に相同なアミノ酸配列を含む。いくつかの態様において、ＶＰＲまたはＶＰＲの断片を含む、または、ＶＰＲまたはＶＰＲ断片と相同な蛋白質は、「ＶＰＲ変異体」と称される。ＶＰＲ変異体は、ＶＰＲまたはその断片とホモロジーを共有する。例えばＶＰＲ変異体は、野生型ＶＰＲまたは配列番号２９３に記載のＶＰＲに対して、少なくとも約７０パーセント同一であるか、少なくとも約８０パーセント同一であるか、少なくとも約９０パーセント同一であるか、少なくとも約９５パーセント同一であるか、少なくとも約９６パーセント同一であるか、少なくとも約９７パーセント同一であるか、少なくとも約９８パーセント同一であるか、少なくとも約９９パーセント同一であるか、少なくとも約９９．５パーセント同一であるか、少なくとも約９９．９パーセント同一である。いくつかの態様において、ＶＰＲ変異体はＶＰＲの断片を含み、当該断片は、野生型ＶＰＲまたは配列番号２９３に記載のＶＰＲの対応する断片に対して、少なくとも約７０パーセント同一であるか、少なくとも約８０パーセント同一であるか、少なくとも約９０パーセント同一であるか、少なくとも約９５パーセント同一であるか、少なくとも約９６パーセント同一であるか、少なくとも約９７パーセント同一であるか、少なくとも約９８パーセント同一であるか、少なくとも約９９パーセント同一であるか、少なくとも約９９．５パーセント同一であるか、または少なくとも約９９．９パーセント同一である。いくつかの態様において、ＶＰＲは、配列番号２９３に記載されるアミノ酸配列を含む。いくつかの態様において、ＶＰＲは、配列番号２９２に記載されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列を含む。

【０１９１】

いくつかの態様において、ＶＰＲは、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡの３要素アクチベーターである。いくつかの態様において、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡは、配列番号２９５に示すＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡを含む。いくつかの態様において、本発明で提供されるＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡ蛋白質には、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡの断片、ならびにＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡおよびＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡ断片に相同な蛋白質が含まれる。例えば、いくつかの態様において、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡは、配列番号２９５に記載されるアミノ酸配列の断片を含む。いくつかの態様において、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡは、配列番号２９５に記載されるアミノ酸配列と相同なアミノ酸配列、または、配列番号２９５に記載されるアミノ酸配列の断片に相同なアミノ酸配列を含む。いくつかの態様において、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡまたはＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡの断片を含む、または、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡまたはＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡ断片と相同な蛋白質は、「ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡ変異体」と称される。ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡ変異体は、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡまたはその断片とホモロジーを共有する。例えばＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡ異型は、配列番号２９５に記載のＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡに対して、少なくとも約７０パーセント同一であるか、少なくとも約８０パーセント同一であるか、少なくとも約９０パーセント同一であるか、少なくとも約９５パーセント同一であるか、少なくとも約９６パーセント同一であるか、少なくとも約９７パーセント同

ーであるか、少なくとも約９８パーセント同一であるか、少なくとも約９９パーセント同一であるか、少なくとも約９９．５パーセント同一であるか、または少なくとも約９９．９パーセント同一である。いくつかの態様において、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡ変異体は、配列番号２９５に記載のＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡの対応する断片に対して、少なくとも約７０パーセント同一であるか、少なくとも約８０パーセント同一であるか、少なくとも約９０パーセント同一であるか、少なくとも約９５パーセント同一であるか、少なくとも約９６パーセント同一であるか、少なくとも約９７パーセント同一であるか、少なくとも約９８パーセント同一であるか、少なくとも約９９パーセント同一であるか、少なくとも約９９．５パーセント同一であるか、または少なくとも約９９．９パーセント同一である、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡの断片を含む。いくつかの態様において、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡは、配列番号２９５に記載されるアミノ酸配列を含む。いくつかの態様において、ＶＰ６４－ＳＶ４０－Ｐ６５－ＲＴＡは、配列番号２９４に記載されるヌクレオチド配列によってコードされるアミノ酸配列を含む。

【０１９２】

本発明の開示のいくつかの側面は、（ｉ）Ｃａｓ９蛋白質と、（ｉｉ）エフェクタードメインと、を含む融合蛋白質の提供に関する。いくつかの側面において、本発明で提供される融合蛋白質はさらに、（ｉｉｉ）ＤＮＡ結合性蛋白質（例えばＺｎフィンガードメイン、ＴＡＬＥまたは第２のＣａｓ９蛋白質）を含む。いかなる特定の理論にも拘束されないが、ＤＮＡ結合性蛋白質（例えば第２のＣａｓ９蛋白質）を、（ｉ）蛋白質と、（ｉｉ）エフェクタードメインと、を含む融合蛋白質に融合させることは、標的核酸配列に対する融合蛋白質の特異性を改良するために、または、古典的ＰＡＭ（５’－ＮＧＧ－３’）配列を含まない標的核酸との結合における融合蛋白質の特異性または結合能を改良するために有用でありうる。いくつかの態様において、第２のＣａｓ９蛋白質は、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質のいずれかである。いくつかの態様において、第２のＣａｓ９蛋白質は、融合蛋白質のＣａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、第２のＣａｓ９蛋白質は、融合蛋白質のＣａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質と第２のＣａｓ９蛋白質は、リンカーを介して融合する。

【０１９３】

本発明ではさらに、本発明で提供されるいずれかの融合蛋白質と、融合蛋白質のＣａｓ９蛋白質に結合する第１のガイドＲＮＡと、融合蛋白質の第２のＣａｓ９蛋白質に結合する第２のガイドＲＮＡと、を含む複合体が提供される。いくつかの態様において、第１のガイドＲＮＡは、約１５～１００ヌクレオチド長であり、第１の標的配列と相補的な少なくとも１０の連続するヌクレオチドを含み、第２のガイドＲＮＡは、約１５～１００ヌクレオチド長であり、第２の標的配列と相補的な少なくとも１０の連続するヌクレオチドを含む。いくつかの態様において、第１のガイドＲＮＡおよび／または第２のガイドＲＮＡは、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７、２８、２９、３０、３１、３２、３３、３４、３５、３６、３７、３８、３９、４０、４１、４２、４３、４４、４５、４６、４７、４８、４９または５０ヌクレオチド長である。いくつかの態様において、第１のガイドＲＮＡおよび第２のガイドＲＮＡは異なる。いくつかの態様において、第１のガイドＲＮＡは、第１の標的配列と相補的な１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７、２８、２９、３０、３１、３２、３３、３４、３５、３６、３７、３８、３９または４０の連続するヌクレオチドを含み、第２のガイドＲＮＡは、第２の標的配列と相補的な１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７、２８、２９、３０、３１、３２、３３、３４、３５、３６、３７、３８、３９または４０の連続するヌクレオチドを含む。いくつかの態様において、第１の標的配列および第２の標的配列は異なる。いくつかの態様において、第１の標的配列および第２の標的配列は、ＤＮＡの塩基配列である。いくつかの態様において、第１の標的配列および第２の標的配列は、哺乳動物のゲノム中に存在する。いくつかの態様において、第１の標的配列および第２の標的配列は、

ヒトのゲノム中に存在する。いくつかの態様において、第１の標的配列は、第２の標的配列の３０ヌクレオチド中に存在する。いくつかの態様において、第１の標的配列の３’末端は、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していない。いくつかの態様において、第２の標的配列の３’末端は、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していない。

【０１９４】

いくつかの態様において、本発明で提供される例示的なＣａｓ９融合蛋白質の一般構成は、

［ＮＨ２］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［エフェクターまたはドメイン］－［Ｃａｓ９］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［ＵＧＩ］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＵＧＩ］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［ＵＧＩ］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＵＧＩ］－［ＣＯＯＨ］；または

［ＮＨ２］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］－［ＣＯＯＨ］の構造であり、ＮＨ２は融合蛋白質のＮ末端であり、ＣＯＯＨは融合蛋白質のＣ末端である。いくつかの態様において、上記の一般構成において使用される「］－［」は、任意のリンカー配列の存在を示す。他の例において、本発明で提供される例示的なＣａｓ９融合蛋白質の一般構成は、

［ＮＨ２］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［ＵＧＩ］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＣＯＯＨ］；

［ＮＨ２］－［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［エフェクタードメイン］－［Ｃ

ａｓ９］－［ＣＯＯＨ］；
［ＮＨ$_2$］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＵＧＩ］－［ＣＯＯＨ］；
［ＮＨ$_2$］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［ＵＧＩ］－［ＣＯＯＨ］；
［ＮＨ$_2$］－［Ｃａｓ９］－［エフェクタードメイン］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［ＵＧＩ］－［ＣＯＯＨ］；または
［ＮＨ$_2$］－［第２のＣａｓ９蛋白質］－［エフェクタードメイン］－［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］－［ＣＯＯＨ］の構造であり、ＮＨ$_2$は融合蛋白質のＮ末端であり、ＣＯＯＨは融合蛋白質のＣ末端である。いくつかの態様において、上記の一般構成において使用される「－」は、任意のリンカー配列の存在を示す。いくつかの態様において、第２のＣａｓ９は、ｄＣａｓ９蛋白質である。いくつかの態様において、本発明で提供される例示的なＣａｓ９融合蛋白質の一般構成は、図８に示す構造を含む。例示的なＣａｓ９融合蛋白質の一般構成に示される蛋白質はいずれも、本発明で提供される１以上のリンカーにより連結されうることは当然のことである。いくつかの態様において、リンカーは、同一である。いくつかの態様において、リンカーは異なる。いくつかの態様において、例示的なＣａｓ９融合蛋白質のいずれかの一般構成に示される蛋白質の１以上は、リンカーを介して融合しない。いくつかの態様において、融合蛋白質はさらに、核ターゲティング配列（例えば核局在化配列）を含む。いくつかの態様において、本発明で提供される融合蛋白質はさらに、核局在化配列（ＮＬＳ）を含む。いくつかの態様において、ＮＬＳは、融合蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、融合蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、第２のＣａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、第２のＣａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、Ｃａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、Ｃａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、エフェクタードメインのＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、エフェクタードメインのＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、ＵＧＩ蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、ＵＧＩ蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、１以上のリンカーを介して融合蛋白質に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、リンカーを介さずに融合蛋白質に融合する。

【０１９５】

ウラシルグリコシラーゼ阻害剤融合蛋白質

本発明の開示のいくつかの側面は、エフェクタードメイン、例えばデアミナーゼおよびウラシルグリコシラーゼ阻害剤（ＵＧＩ）に融合するＣａｓ９蛋白質を含む融合蛋白質を提供する。いくつかの態様において、融合蛋白質は、以下の構造を含む：
［デアミナーゼ］－［任意のリンカー配列］－［Ｃａｓ９］－［任意のリンカー配列］－［ＵＧＩ］；
［デアミナーゼ］－［任意のリンカー配列］－［ＵＧＩ］－［任意のリンカー配列］－［Ｃａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［任意のリンカー配列］－［デアミナーゼ］－［任意のリンカー配列］－［Ｃａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［任意のリンカー配列］－［Ｃａｓ９］－［任意のリンカー配列］－［デアミナーゼ］；
［Ｃａｓ９］－［任意のリンカー配列］－［デアミナーゼ］－［任意のリンカー配列］－［ＵＧＩ］；または
［Ｃａｓ９］－［任意のリンカー配列］－［ＵＧＩ］－［任意のリンカー配列］－［デアミナーゼ］。

いくつかの態様において、融合蛋白質は、リンカー配列を含まない。いくつかの態様において、任意のリンカー配列の一方または両方が存在する。

【０１９６】

いくつかの態様において、融合蛋白質はさらに、第２のＣａｓ９蛋白質を含む。例えば、第２のＣａｓ９蛋白質は、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質のいずれかでもよい。いくつかの態様において、融合蛋白質は、以下の構造を含む：
［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］；
［デアミナーゼ］－［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］；
［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］－［ＵＧＩ］；
［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］－［デアミナーゼ］；
［第２のＣａｓ９］－［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］；
［第２のＣａｓ９］－［デアミナーゼ］－［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］；
［第２のＣａｓ９］－［ＵＧＩ］－［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］；
［第２のＣａｓ９］－［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］；
［第２のＣａｓ９］－［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］－［ＵＧＩ］；
［第２のＣａｓ９］－［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］－［デアミナーゼ］；
［デアミナーゼ］－［第２のＣａｓ９］－［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］；
［デアミナーゼ］－［第２のＣａｓ９］－［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９］－［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９］－［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］；
［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９］－［デアミナーゼ］－［ＵＧＩ］；
［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９］－［ＵＧＩ］－［デアミナーゼ］；
［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９］－［ＵＧＩ］；
［デアミナーゼ］－［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９］－［Ｃａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［デアミナーゼ］－［第２のＣａｓ９］－［Ｃａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９］－［デアミナーゼ］；
［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］－［第２のＣａｓ９］－［ＵＧＩ］；
［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９］－［デアミナーゼ］；
［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９］；
［デアミナーゼ］－［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［デアミナーゼ］－［Ｃａｓ９］－［第２のＣａｓ９］；
［ＵＧＩ］－［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］－［第２のＣａｓ９］；
［Ｃａｓ９］－［デアミナーゼ］－［ＵＧＩ］－［第２のＣａｓ９］；または
［Ｃａｓ９］－［ＵＧＩ］－［デアミナーゼ］－［第２のＣａｓ９］。

いくつかの態様において、上記の一般構成において使用される「－」は、任意のリンカー配列の存在を示す。いくつかの態様において、ＵＧＩを含む融合蛋白質はさらに、核ターゲティング配列（例えば核局在化配列）を含む。いくつかの態様において、本発明で提供される融合蛋白質はさらに、核局在化配列（ＮＬＳ）を含む。いくつかの態様において、ＮＬＳは、融合蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、融合蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、ＵＧＩ蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、ＵＧＩ蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、Ｃａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、Ｃａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、デアミナーゼのＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、デアミナーゼのＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、第２のＣａｓ９蛋白質のＮ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、第２のＣａｓ９蛋白質のＣ末端に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、１以上のリンカーを介して融合蛋白質に融合する。いくつかの態様において、ＮＬＳは、リンカーを介さずに融合蛋白質に融合する。

【０１９７】

いくつかの態様において、ＵＧＩは、野生型ＵＧＩまたは配列番号５５３に示すＵＧＩ

を含む。いくつかの態様において、本発明で提供されるＵＧＩ蛋白質には、ＵＧＩの断片、ならびにＵＧＩまたはＵＧＩ断片と相同な蛋白質が含まれる。例えば、いくつかの態様において、ＵＧＩは、配列番号５５３に記載されるアミノ酸配列の断片を含む。いくつかの態様において、ＵＧＩは、配列番号５５３に記載されるアミノ酸配列と相同なアミノ酸配列、または、配列番号５５３に記載されるアミノ酸配列の断片に相同なアミノ酸配列を含む。いくつかの態様において、ＵＧＩまたはＵＧＩ断片を含む蛋白質またはＵＧＩまたはＵＧＩ断片のホモログは、「ＵＧＩ変異体」と称される。ＵＧＩ変異体は、ＵＧＩまたはその断片とのホモロジーを共有する。例えばＵＧＩ変異体は、野生型ＵＧＩまたは配列番号５５３に記載のＵＧＩに対して、少なくとも約７０パーセント同一であるか、少なくとも約８０パーセント同一であるか、少なくとも約９０パーセント同一であるか、少なくとも約９５パーセント同一であるか、少なくとも約９６パーセント同一であるか、少なくとも約９７パーセント同一であるか、少なくとも約９８パーセント同一であるか、少なくとも約９９パーセント同一であるか、少なくとも約９９．５パーセント同一であるか、少なくとも約９９．９パーセント同一である。いくつかの態様において、ＵＧＩ変異体はＵＧＩの断片を含み、当該断片は、野生型ＵＧＩまたは配列番号５５３に記載のＵＧＩの対応する断片に対して、少なくとも約７０パーセント同一であるか、少なくとも約８０パーセント同一であるか、少なくとも約９０パーセント同一であるか、少なくとも約９５パーセント同一であるか、少なくとも約９６パーセント同一であるか、少なくとも約９７パーセント同一であるか、少なくとも約９８パーセント同一であるか、少なくとも約９９パーセント同一であるか、少なくとも約９９．５パーセント同一であるか、または少なくとも約９９．９パーセント同一である。いくつかの態様において、ＵＧＩは、以下のアミノ酸配列を含む：

＞sp｜P14739｜UNGI_BPPB2　ウラシル－ＤＮＡグリコシラーゼ阻害剤
MTLSDIIEKETGKQLVIQESILMLPEEVEEVIGKPESDILVHTAYDESTDENVMLLTSDAPEYKPWALVIQDSNGEKIKML（配列番号５５３）。

【０１９８】

好適なＵＧＩ蛋白質およびヌクレオチド配列は、本明細書で提供されるとおりであり、またさらなる好適なＵＧＩ配列も当業者に周知であり、例えば、Wang et al.,Uracil-DNA glycosylase inhibitor gene of bacteriophage PBS2 encodes a binding protein specific for uracil-DNA glycosylase.J. Biol. Chem. 264: 1163-1171(1989)、Lundquist et al.,Site-directed mutagenesis and characterization of uracil-DNA glycosylase inhibitor protein. Role of specific carboxylic amino acids in complex formation with Escherichia coli uracil-DNA glycosylase.J. Biol. Chem. 272:21408-21419(1997)、Ravishankar et al.,X-ray analysis of a complex of Escherichia coli uracil DNA glycosylase (EcUDG) with a proteinaceous inhibitor. The structure elucidation of a prokaryotic UDG.Nucleic Acids Res. 26: 4880-4887(1998)、およびPutnam et al.,Protein mimicry of DNA from crystal structures of the uracil-DNA glycosylase inhibitor protein and its complex with Escherichia coli uracil-DNA glycosylase.J. Mol. Biol. 287:331-346(1999)にて公表されたものが挙げられ、各々の全開示内容を本明細書において参照により援用する。

【０１９９】

当然ながら、さらなる蛋白質はウラシルグリコシラーゼ阻害剤でもよい。例えば、ウラシル－ＤＮＡグリコシラーゼ塩基－切除修復酵素を阻害できる（例えば立体的ブロックする）他の蛋白質も、本発明の開示の範囲内である。いくつかの態様において、ウラシルグリコシラーゼ阻害剤は、ＤＮＡと結合する蛋白質である。いくつかの態様において、ウラシルグリコシラーゼ阻害剤は、一本鎖ＤＮＡと結合する蛋白質である。例えば、ウラシルグリコシラーゼ阻害剤は、Erwinia tasmaniensisの一本鎖結合蛋白質であってもよい。いくつかの態様において、一本鎖結合蛋白質は、アミノ酸配列（配列番号３０３）を含む。いくつかの態様において、ウラシルグリコシラーゼ阻害剤は、ウラシルと結合する蛋白質である。いくつかの態様において、ウラシルグリコシラーゼ阻害剤は、ＤＮＡ中のウラ

シルと結合する蛋白質である。いくつかの態様において、ウラシルグリコシラーゼ阻害剤は、触媒的に不活性なウラシルＤＮＡ－グリコシラーゼ蛋白質である。いくつかの態様において、ウラシルグリコシラーゼ阻害剤は、ウラシルをＤＮＡから切除しない、触媒的に不活性なウラシルＤＮＡ－グリコシラーゼ蛋白質である。例えば、ウラシルグリコシラーゼ阻害剤は、ＵｄｇＸである。いくつかの態様において、ＵｄｇＸは、アミノ酸配列（配列番号３０４）を含む。別の例として、ウラシルグリコシラーゼ阻害剤は、触媒的に不活性なＵＤＧである。いくつかの態様において、触媒的に不活性なＵＤＧは、アミノ酸配列（配列番号３０５）を含む。当然ながら、他のウラシルグリコシラーゼ阻害剤は当業者にとり自明であり、本発明の開示の範囲内である。

Erwinia tasmaniensisのＳＳＢ（熱安定性一本鎖ＤＮＡ結合蛋白質）

MASRGVNKVILVGNLGQDPEVRYMPNGGAVANITLATSESWRDKQTGETKEKTEWHRV
VLFGKLAEVAGEYLRKGSQVYIEGALQTRKWTDQAGVEKYTTEVVVNVGGTMQMLGGR
SQGGGASAGGQNGGSNNGWGQPQQPQGGNQFSGGAQQQARPQQQPQQNNAPANNEPP
IDFDDDIP（配列番号３０３）

ＵｄｇＸ（ＤＮＡ中のウラシルに結合するが、切除しない）

MAGAQDFVPHTADLAELAAAAGECRGCGLYRDATQAVFGAGGRSARFMIGEQPGDKEDL
AGLPFVGPAGRLLDRALEAADIDRDALYVTNAVKHFKFTRAAGGKRRIHKTPSRTEVVAC
RPWLIAEMTSVEPDVVVLLGATAAKALLGNDFRVTQFIRGEVLHVDDVPGDPALVATVH
PSSLLRGPKEERESAFAGLVDDLRVAADVRP（配列番号３０４）ＵＤＧ（触媒的に不活性なヒトＵＤＧ、ＤＮＡ中のウラシルと結合するが、切除しない）

MIGQKTLYSFFSPSPARKRHAPSPEPAVQGTGVAGVPEESGDAAAIPAKKAPAGQEEPGT
PPSSPLSAEQLDRIQRNKAAALLRLAARNVPVGFGESWKKHLSGEFGKPYFIKLMGFVAE
ERKHYTVYPPPHQVFTWTQMCDIKDVKVVILGQEPYHGPNQAHGLCFSVQRPVPPPPSL
ENIYKELSTDIEDFVHPGHGDLSGWAKQGVLLLNAVLTVRAHQANSHKERGWEQFTDAV
VSWLNQNSNGLVFLLWGSYAQKKGSAIDRKRHHVLQTAHPSPLSVYRGFFGCRHFSKTN
ELLQKSGKKPIDWKEL（配列番号３０５）

【０２００】

高正確性(High Fidelity)のＣａｓ９

本発明の開示のいくつかの側面は、正確性が高いＣａｓ９蛋白質の提供に関する。いくつかの態様において、高正確性のＣａｓ９蛋白質は、野生型Ｃａｓ９ドメインと比較して、Ｃａｓ９蛋白質とＤＮＡの糖‐リン酸主鎖との間の静電的相互作用が低い。いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質のいずれかは、Ｃａｓ９蛋白質とＤＮＡの糖‐リン酸主鎖との間の会合を低下させる１以上の変異を含む。いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質のいずれかは、Ｃａｓ９蛋白質とＤＮＡの糖‐リン酸主鎖との間の会合を、少なくとも５パーセント、少なくとも１０パーセント、少なくとも１５パーセント、少なくとも２０パーセント、少なくとも２５パーセント、少なくとも３０パーセント、少なくとも３５パーセント、少なくとも４０パーセント、少なくとも４５パーセント、少なくとも５０パーセント、少なくとも６０パーセント、少なくとも７０パーセント、少なくとも８０パーセント、少なくとも９０パーセントまたは少なくとも９５パーセント低下させる、１以上の変異を含む。いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質のいずれかは、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＮ４９７Ｘ、Ｒ６６１Ｘ、Ｑ６９５Ｘおよび／またはＱ９２６Ｘ変異の１以上、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異、を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸である。いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９蛋白質のいずれかは、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＮ４９７Ａ、Ｒ６６１Ａ、Ｑ６９５Ａおよび／またはＱ９２６Ａ変異の１以上、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号９に示されるアミノ酸配列のＤ１０Ａ変異、または配列番号１０～２６２に示されるアミノ酸配列のいずれかの対応する変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質は、配列番号３０６に示すアミノ酸配列を含む。正確性が高いＣａｓ９蛋白質は、先行技

術文献に記載されており、当業者にとり自明である。例えば、正確性が高いＣａｓ９蛋白質は、Kleinstiver, B.P., et al. "High-fidelity CRISPR-Cas9 nucleases with no detectable genome-wide off-target effects." Nature 529, 490-495 (2016)、およびSlaymaker, I.M., et al. "Rationally engineered Cas9 nucleases with improved specificity." Science 351, 84-88 (2015)に記載されており、各々の全開示内容を本明細書において参照により援用する。当然ながら、本発明の開示および技術常識に基づき、いずれかのＣａｓ９蛋白質を変異させ、野生型Ｃａｓ９ドメインと比較し、Ｃａｓ９蛋白質とＤＮＡの糖‐リン酸主鎖との間の静電的相互作用が低減した、正確性が高いＣａｓ９蛋白質を創出できる。

配列番号９のＣａｓ９に対するＣａｓ９ドメインの変異箇所を太字および下線で示す。

【数２３】

MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGE
TAEATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHE
RHPIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEG
DLNPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLP
GEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYA
DLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPE
KYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQR
TFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFA
WMTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTAFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTV
YNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFD
SVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERL
KTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGALSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN
FMALIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVK

【数２４】

VMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQL
QNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDK
NRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIK
RQLVETRAITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKV
REINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGK
ATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSM
PQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVV
AKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQ
HKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGA
PAAFKYFDTTIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号３０６）

【０２０１】
縮減されたＰＡＭ排他性を有するＣａｓ９ドメイン
本開示のいくつかの側面は、異なるＰＡＭ特異性を有するＣａｓ９蛋白質を提供する。典型的には、Ｃａｓ９蛋白質、例えばS. pyogenesからのＣａｓ９（ｓｐＣａｓ９）は、具体的な核酸領域に結合するためには古典的ＮＧＧ ＰＡＭ配列を要求する。古典的（例えばＮＧＧ）ＰＡＭ配列を含有しないヌクレオチド配列に結合する能力を限定し得る。。例えば、非古典的ＰＡＭ配列に結合するＣａｓ９蛋白質はKleinstiver, B. P., et al., "Engineered CRISPR-Cas9 nucleases with altered PAM specificities" Nature 523, 481-485 (2015)；およびKleinstiver, B. P., et al., "Broadening the targeting range of Staphylococcus aureus CRISPR-Cas9 by modifying PAM recognition" Nature Biotechnology 33, 1293-1298 (2015)に記載されており；それぞれの内容全体はここで参照によって組み込まれる。
【０２０２】
いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質はStaphylococcus aureusからのＣａｓ９蛋白質である（ＳａＣａｓ９）。いくつかの態様において、ＳａＣａｓ９蛋白質は、ヌクレアーゼ活性なＳａＣａｓ９、ヌクレアーゼ不活性型ＳａＣａｓ９（ＳａＣａｓ９ｄ）、またはＳａＣａｓ９ニッカーゼ（ＳａＣａｓ９ｎ）である。いくつかの態様において、ＳａＣａｓ９はアミノ酸配列配列番号３０７を含む。いくつかの態様において、ＳａＣａｓ９は、配列番号３０７のＮ５７９Ｘ変異、または配列番号９～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含み、ＸはＮ以外のいずれかのアミノ酸である。いくつかの態様において、ＳａＣａｓ９は、配列番号３０７のＮ５７９Ａ変異、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含む。いくつかの態様において、ＳａＣａｓ９蛋白質、ＳａＣａｓ９ｄ蛋白質、またはＳａＣａｓ９ｎ蛋白質は、非古典的ＰＡＭを有する核酸配列に結合し得る。いくつかの態様において、ＳａＣａｓ９蛋白質、ＳａＣａｓ９ｄ蛋白質、またはＳａＣａｓ９ｎ蛋白質は、ＮＮＧＲＲＴ ＰＡＭ配列を有する核酸配列に結合し得る。いくつかの態様において、ＳａＣａｓ９蛋白質は、配列番号３０７のＥ７８１Ｘ、Ｎ９６７Ｘ、またはＲ１０１４Ｘ変異の１以上、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸である。いくつかの態様において、ＳａＣａｓ９蛋白質は、配列番号３０７のＥ７８１Ｋ、Ｎ９６７Ｋ、またはＲ１０１４Ｈ変異の１以上、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける１以上の対応する変異を含む。いくつかの態様において、ＳａＣａｓ９蛋白質は、配列番号３０７のＥ７８１Ｋ、Ｎ９６７Ｋ、およびＲ１０１４Ｈ変異、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含む。これらの変異が、本明細書に提供される他の変異のいずれかと組み合わされてもよいことは理解されるべきである。
【０２０３】
いくつかの態様において、本明細書において提供される融合蛋白質のいずれかのＣａｓ９蛋白質は、配列番号３０７～３０９のいずれか１つと少なくとも６０％、少なくとも６５％、少なくとも７０％、少なくとも７５％、少なくとも８０％、少なくとも８５％、少なくとも９０％、少なくとも９５％、少なくとも９６％、少なくとも９７％、少なくとも９８％、少なくとも９９％、または少なくとも９９．５％同一であるアミノ酸配列を含む。いくつかの態様において、本明細書において提供される融合蛋白質のいずれかのＣａｓ９蛋白質は、配列番号３０７～３０９のいずれか１つのアミノ酸配列を含む。いくつかの態様において、本明細書において提供される融合蛋白質のいずれかのＣａｓ９蛋白質は配列番号３０７～３０９のいずれか１つのアミノ酸配列からなる。
例示のＳａＣａｓ９配列
【数２５－１】

KRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGARRLKRR
RRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSAALLHLAKRRG
VHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKKDGEVRGSINRFKTS
DYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYEGPGEGSPFGWKDIKEWY
EMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNNLVITRDENEKLEYYEKFQIIENV
FKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTSTGKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAE
LLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSELTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDEL
WHTNDNQIAIFNRLKLVPKKVDLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKK
YGLPNDIIIELAREKNSKDAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKL
HDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEENSKK
GNRTPFQYLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFI

【数２５－２】

NRNLVDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG
YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQEYKEIF
ITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRELINDTLYSTRKDDKGNTLIVNNLNGLYDK
DNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNPLYKYYEETGNYLTK
YSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVKLSLKPYRFDVYLDNGVY
KFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQAEFIASFYNNDLIKINGELYRV
IGVNNDLLNRIEVNMIDITYREYLENMNDKRPPRIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYE
VKSKKHPQIIKKG

（配列番号３０７）

下線が引かれかつ太字の、配列番号３０７の残基Ｎ５７９は、変異が（例えばＡ５７９へ）導入されることで、ＳａＣａｓ９ニッカーゼが産生されてもよい。

例示のＳａＣａｓ９ｎ配列

【数２６】

KRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGARRLKRR
RRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSAALLHLAKRRG
VHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKKDGEVRGSINRFKTS
DYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYEGPGEGSPFGWKDIKEWY
EMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNNLVITRDENEKLEYYEKFQIIENV
FKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTSTGKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAE
LLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSELTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDEL
WHTNDNQIAIFNRLKLVPKKVDLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKK
YGLPNDIIIELAREKNSKDAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKL
HDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEE**A**SKK
GNRTPFQYLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFI
NRNLVDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG
YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQEYKEIF
ITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRELINDTLYSTRKDDKGNTLIVNNLNGLYDK
DNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNPLYKYYEETGNYLTK
YSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVKLSLKPYRFDVYLDNGVY
KFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQAEFIASFYNNDLIKINGELYRV
IGVNNDLLNRIEVNMIDITYREYLENMNDKRPPRIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYE
VKSKKHPQIIKKG

（配列番号３０８）

配列番号３０８の残基Ｎ５７９は、配列番号３０７のＮ５７９から変異が導入されることでＳａＣａｓ９ニッカーゼが産生され得るが、下線が引かれかつ太字である。

例示のＳａＫＫＨＣａｓ９

【数２７】

KRNYILGLDIGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGARRLKRR
RRHRIQRVKKLLFDYNLLTDHSELSGINPYEARVKGLSQKLSEEEFSAALLHLAKRRG
VHNVNEVEEDTGNELSTKEQISRNSKALEEKYVAELQLERLKKDGEVRGSINRFKTS
DYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYEGPGEGSPFGWKDIKEWY
EMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNNLVITRDENEKLEYYEKFQIIENV
FKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTSTGKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAE
LLDQIAKILTIYQSSEDIQEELTNLNSELTQEEIEQISNLKGYTGTHNLSLKAINLILDEL
WHTNDNQIAIFNRLKLVPKKVDLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKK
YGLPNDIIIELAREKNSKDAQKMINEMQKRNRQTNERIEEIIRTTGKENAKYLIEKIKL
HDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLNNPFNYEVDHIIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEE**A**SKK
GNRTPFQYLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFI
NRNLVDTRYATRGLMNLLRSYFRVNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKG
YKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAESMPEIETEQEYKEIF
ITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNR*K*LINDTLYSTRKDDKGNTLIVNNLNGLYDK
DNDKLKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNPLYKYYEETGNYLTK
YSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNSRNKVVKLSLKPYRFDVYLDNGVY
KFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKCYEEAKKLKKISNQAEFIASFY*K*NDLIKINGELYRV
IGVNNDLLNRIEVNMIDITYREYLENMNDKRPP*H*IIKTIASKTQSIKKYSTDILGNLYE
VKSKKHPQIIKKG

（配列番号３０９）

配列番号３０９の残基Ａ５７９は、配列番号３０７のＮ５７９から変異が導入されることでＳａＣａｓ９ニッカーゼが産生され得るが、下線が引かれかつ太字である。配列番号３０９の残基Ｋ７８１、Ｋ９６７、およびＨ１０１４は、配列番号３０７のＥ７８１、Ｎ９６７、およびＲ１０１４から変異が導入されることでＳａＫＫＨＣａｓ９が産生され得るが、下線が引かれかつ斜字体である。

【０２０４】

いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質はStreptococcus pyogenesからのＣａｓ９蛋白質である（ＳｐＣａｓ９）。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質はヌクレアーゼ活性なＳｐＣａｓ９、ヌクレアーゼ不活性型ＳｐＣａｓ９（ＳｐＣａｓ９ｄ）、またはＳｐＣａｓ９ニッカーゼ（ＳｐＣａｓ９ｎ）である。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９はアミノ酸配列配列番号９を含む。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９は、配列番号９のＤ１０Ｘ変異、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含み、ＸはＤ以外のいずれかのアミノ酸である。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９は、配列番号９のＤ１０Ａ変異、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含む。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質、ＳｐＣａｓ９ｄ蛋白質、またはＳｐＣａｓ９ｎ蛋白質は、非古典的ＰＡＭを有する核酸配列に結合し得る。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質、ＳｐＣａｓ９ｄ蛋白質、またはＳｐＣａｓ９ｎ蛋白質は、ＮＧＧ、ＮＧＡ、またはＮＧＣＧ ＰＡＭ配列を有する核酸配列に結合し得る。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質は、配列番号９のＤ１１３５Ｘ、Ｒ１３３５Ｘ、およびＴ１３３７Ｘ変異の１以上、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列の

いずれかにおける対応する変異を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸である。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質は、配列番号９のＤ１１３５Ｅ、Ｒ１３３５Ｑ、およびＴ１３３５Ｒ変異の１以上、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含む。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質は、配列番号９のＤ１１３５Ｅ、Ｒ１３３５Ｑ、およびＴ１３３７Ｒ変異、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含む。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質は、配列番号９のＤ１１３５Ｘ、Ｒ１３３５Ｘ、およびＴ１３３８Ｘ変異の１以上、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸である。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質は、配列番号９のＤ１１３５Ｖ、Ｒ１３３５Ｑ、およびＴ１３３７Ｒ変異の１以上、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含む。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質は、配列番号９のＤ１１３５Ｖ、Ｒ１３３５Ｑ、およびＴ１３３７Ｒ変異、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含む。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質は、配列番号９のＤ１１３５Ｘ、Ｇ１２１８Ｘ、Ｒ１３３５Ｘ、およびＴ１３３７Ｘ変異の１以上、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含み、Ｘはいずれかのアミノ酸である。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質は、配列番号９のＤ１１３５Ｖ、Ｇ１２１８Ｒ、Ｒ１３３５Ｑ、およびＴ１３３７Ｒ変異の１以上、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含む。いくつかの態様において、ＳｐＣａｓ９蛋白質は、配列番号９のＤ１１３５Ｖ、Ｇ１２１８Ｒ、Ｒ１３３５Ｑ、およびＴ１３３７Ｒ変異、または配列番号１０～２６２によって提供されるアミノ酸配列のいずれかにおける対応する変異を含む。これらの変異が、本明細書に提供される他の変異のいずれかと組み合わされてもよいことは理解されるべきである。

【０２０５】

いくつかの態様において、本明細書において提供される融合蛋白質のいずれかのＣａｓ９蛋白質は、配列番号９、３１０～３１３のいずれか１つと少なくとも６０％、少なくとも６５％、少なくとも７０％、少なくとも７５％、少なくとも８０％、少なくとも８５％、少なくとも９０％、少なくとも９５％、少なくとも９６％、少なくとも９７％、少なくとも９８％、少なくとも９９％、または少なくとも９９．５％同一であるアミノ酸配列を含む。いくつかの態様において、本明細書において提供される融合蛋白質のいずれかのＣａｓ９ドメインは、配列番号９、３１０～３１３のいずれか１つのアミノ酸配列を含む。いくつかの態様において、本明細書において提供される融合蛋白質のいずれかのＣａｓ９ドメインは配列番号９、３１０～３１３のいずれか１つのアミノ酸配列からなる。

例示のＳｐＣａｓ９

MDKKYSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEA
TRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNI
VDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVD
KLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIAL
SLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDI
LRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDG
GASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQ
EDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGAS
AQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKA
IVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLD
NEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLIN
GIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLA
GSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGI
KELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLK

DDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRK
DFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQ
EIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLS
MPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAK
VEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGR
KRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII
EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTID
RKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD（配列番号９）

例示のＳｐＣａｓ９ｎ

DKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETAEAT
RLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNIV
DEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVDK
LFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALS
LGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDIL
RVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGG
ASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGELHAILRRQE
DFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEEVVDKGAS
AQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKA
IVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLD
NEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLIN
GIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLA
GSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGI
KELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLK
DDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGG
LSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRK
DFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQ
EIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLS
MPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAK
VEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGR
KRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEII
EQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDTTID
RKRYTSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD（配列番号３１０）

例示のＳｐＥＱＲ Ｃａｓ９

【数２８】

DKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA
EATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERH
PIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDL
NPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGE
KKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADL
FLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKY
KEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF
DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAW
MTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVY
NELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDS
VEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERL

【数２９】

KTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN
FMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVK
VMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQL
QNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDK
NRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIK
RQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKV
REINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGK
ATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSM
PQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGF**E**SPTVAYSVLVV
AKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQ
HKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGA
PAAFKYFDTTIDRK**Q**Y**R**STKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号３１１）

配列番号３１１の残基Ｅ１１３４、Ｑ１３３４、およびＲ１３３６は、配列番号９のＤ１１３４、Ｒ１３３４、およびＴ１３３６から変異が導入されることで、ＳｐＥＱＲ Ｃａｓ９が産生され得るが、下線が引かれかつ太字である。

例示のＳｐＶＱＲ Ｃａｓ９

【数３０】

DKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA
EATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERH
PIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDL
NPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGE
KKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADL
FLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKY
KEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF
DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAW
MTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVY
NELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDS
VEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERL
KTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN
FMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVK
VMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQL
QNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDK
NRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIK

【数３１】

RQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKV
REINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGK
ATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSM
PQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGF**V**SPTVAYSVLVV
AKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE
LENGRKRMLASAGELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQ
HKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGA
PAAFKYFDTTIDRK**Q**Y**R**STKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号３１２）

配列番号３１２の残基Ｖ１１３４、Ｑ１３３４、およびＲ１３３６は、配列番号９のＤ１１３４、Ｒ１３３４、およびＴ１３３６から変異が導入されることでＳｐＶＱＲ Ｃａｓ９が産生され得るが、下線が引かれかつ太字である。

例示のＳｐＶＲＥＲ Ｃａｓ９

【数３２】

DKKYSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA
EATRLKRTARRRYTRRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERH
PIFGNIVDEVAYHEKYPTIYHLRKKLVDSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDL
NPDNSDVDKLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGE
KKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDAKLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADL
FLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKY
KEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTF
DNGSIPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAW
MTRKSEETITPWNFEEVVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVY
NELTKVKYVTEGMRKPAFLSGEQKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDS
VEISGVEDRFNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERL
KTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWGRLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRN
FMQLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVK
VMGRHKPENIVIEMARENQTTQKGQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQL
QNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDHIVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDK
NRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDNLTKAERGGLSELDKAGFIK
RQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKV
REINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGK
ATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSM
PQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKDWDPKKYGGF**V**SPTVAYSVLVV
AKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKEVKKDLIIKLPKYSLFE

【数３３】

LENGRKRMLASA**R**ELQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQ
HKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGA
PAAFKYFDTTIDRK**E**Y**R**STKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号３１３）

【０２０６】

配列番号３１３の残基Ｖ１１３４、Ｒ１２１７、Ｑ１３３４、およびＲ１３３６は、配列番号９のＤ１１３４、Ｇ１２１７、Ｒ１３３４、およびＴ１３３６から変異が導入されることでＳｐＶＲＥＲ Ｃａｓ９が産生され得るが、下線が引かれかつ太字である。

【０２０７】

ガイドＲＮＡとのＣａｓ９複合体

本開示のいくつかの側面は、本明細書に提供されるとおりのＣａｓ９蛋白質またはＣａｓ９融合蛋白質を含む複合体を提供する。いくつかの態様において、ガイドＲＮＡは約１５～１００ヌクレオチドの長さであり、標的配列に対して相補的である少なくとも１０個の一続きのヌクレオチドの配列を含む。いくつかの態様において、ガイドＲＮＡは、１５

、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７、２８、２９、３０、３１、３２、３３、３４、３５、３６、３７、３８、３９、４０、４１、４２、４３、４４、４５、４６、４７、４８、４９、または５０ヌクレオチドの長さである。いくつかの態様において、ガイドＲＮＡは、標的配列に対して相補的である１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７、２８、２９、３０、３１、３２、３３、３４、３５、３６、３７、３８、３９、または４０個の一続きのヌクレオチドの配列を含む。いくつかの態様において、標的配列はＤＮＡ配列である。いくつかの態様において、標的配列は哺乳動物のゲノム中の配列である。いくつかの態様において、標的配列はヒトのゲノム中の配列である。いくつかの態様において、標的配列の３’末端は古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）に直ちには隣接しない。

【０２０８】

本発明の開示のいくつかの側面では、融合蛋白質のＣａｓ９蛋白質に結合した第１のガイドＲＮＡと、融合蛋白質の第２のＣａｓ９蛋白質と結合した第２のガイドＲＮＡと、を含む複合体が提供される。いくつかの態様において、第１のガイドＲＮＡは、約１５～１００ヌクレオチド長であり、第１の標的配列と相補的な少なくとも１０の連続するヌクレオチドを含み、第２のガイドＲＮＡは、約１５～１００ヌクレオチド長であり、第２の標的配列と相補的な少なくとも１０の連続するヌクレオチドを含む。いくつかの態様において、第１のガイドＲＮＡおよび／または第２のガイドＲＮＡは、１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７、２８、２９、３０、３１、３２、３３、３４、３５、３６、３７、３８、３９、４０、４１、４２、４３、４４、４５、４６、４７、４８、４９または５０ヌクレオチド長である。いくつかの態様において、第１のガイドＲＮＡおよび第２のガイドＲＮＡは異なる。いくつかの態様において、第１のガイドＲＮＡは、第１の標的配列と相補的な１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７、２８、２９、３０、３１、３２、３３、３４、３５、３６、３７、３８、３９または４０の連続するヌクレオチドを含み、第２のガイドＲＮＡは、第２の標的配列と相補的な１５、１６、１７、１８、１９、２０、２１、２２、２３、２４、２５、２６、２７、２８、２９、３０、３１、３２、３３、３４、３５、３６、３７、３８、３９または４０の連続するヌクレオチドを含む。

【０２０９】

いくつかの態様において、第１の標的配列および第２の標的配列は異なる。いくつかの態様において、第１の標的配列および第２の標的配列は、ＤＮＡの塩基配列である。いくつかの態様において、第１の標的配列および第２の標的配列は、哺乳動物のゲノム中に存在する。いくつかの態様において、第１の標的配列および第２の標的配列は、ヒトのゲノム中に存在する。いくつかの態様において、第１の標的配列は、第２の標的配列の少なくとも5、１０、１５、２０、２５、３０、３５、４０、４５、５０、６０、７０、８０、９０、１００、１５０または２００ヌクレオチド中に存在する。いくつかの態様において、第１の標的配列の３’末端は、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していない。いくつかの態様において、第２の標的配列の３’末端は、古典的ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）と直接隣接していない。

Ｃａｓ９融合蛋白質の使用方法：

【０２１０】

Ｃａｓ９融合蛋白質を用いる方法

本開示のいくつかの側面は、本明細書において提供されるＣａｓ９蛋白質、融合蛋白質、または複合体を用いる方法を提供する。例えば、本開示のいくつかの側面は、ＤＮＡ分子を（ａ）本明細書において提供されるＣａｓ９蛋白質または融合蛋白質のいずれか、および少なくとも１つのガイドＲＮＡ；あるいは（ｂ）本明細書において提供される少なくとも１つのｇＲＮＡとのＣａｓ９蛋白質、Ｃａｓ９融合蛋白質、またはＣａｓ９蛋白質もしくは融合蛋白質複合体と接触させることを含む方法を提供し、ガイドＲＮＡは約１５～１００ヌクレオチドの長さであり、標的配列に対して相補的である少なくとも１０個の一続きのヌクレオチドの配列を含む。いくつかの態様において、標的配列の３’末端は古典的

ＰＡＭ配列（５’－ＮＧＧ－３’）に直ちには隣接しない。いくつかの態様において、標的配列の３’末端はＡＧＣ、ＧＡＧ、ＴＴＴ、ＧＴＧ、またはＣＡＡ配列に直ちに隣接する。

【０２１１】

いくつかの態様において、標的ＤＮＡ配列は、疾患または異常に関連する配列を含む。いくつかの態様において、標的ＤＮＡ配列は疾患または異常に関連する点変異を含む。いくつかの態様において、Ｃａｓ９蛋白質、Ｃａｓ９融合蛋白質、または複合体の活性は点変異の修正をもたらす。いくつかの態様において、標的ＤＮＡ配列は疾患または異常に関連するＴ→Ｃ点変異を含み、変異体Ｃ塩基の脱アミノ化は、疾患または異常に関連しない配列をもたらす。いくつかの態様において、標的ＤＮＡ配列は蛋白質をコードし、点変異はコドン中にあり、野生型コドンと比較して変異体コドンによってコードされるアミノ酸の変化をもたらす。いくつかの態様において、変異体Ｃの脱アミノ化は、変異体コドンによってコードされるアミノ酸の変化をもたらす。いくつかの態様において、変異体Ｃの脱アミノ化は、野生型アミノ酸をコードするコドンをもたらす。いくつかの態様において、接触は、対象に対してインビボである。いくつかの態様において、対象は疾患または異常を有するか、またはそれと診断されている。いくつかの態様において、疾患または異常は、嚢胞性線維症、フェニルケトン尿症、表皮剥離性角質増殖症（ＥＨＫ）、シャルコー・マリー・トゥース病４Ｊ型、神経芽腫（ＮＢ）、フォン・ヴィレブランド病（ｖＷＤ）、先天性ミオトニー、遺伝性腎アミロイドーシス、拡張型心筋症（ＤＣＭ）、遺伝性リンパ浮腫、家族性アルツハイマー病、ＨＩＶ、プリオン病、慢性乳児神経皮膚関節症候群（ＣＩＮＣＡ）、デスミン関連ミオパチー（ＤＲＭ）、変異体ＰＩ３ＫＣＡ蛋白質、変異体ＣＴＮＮＢ１蛋白質、変異体ＨＲＡＳ蛋白質、または変異体ｐ５３蛋白質に関連する新生物疾患である。

【０２１２】

いくつかの態様は、本明細書において提供されるＣａｓ９ ＤＮＡ編集融合蛋白質を用いるための方法を提供する。いくつかの態様において、融合蛋白質は、標的核酸塩基、例えばＣ残基を脱アミノ化することによって核酸に点変異を導入するために用いられる。いくつかの態様において、標的核酸塩基の脱アミノ化は、遺伝子欠損の修正、例えば遺伝子産物の機能喪失に至る点変異の修正をもたらす。いくつかの態様において、遺伝子欠損は、疾患または異常、例えばリソソーム蓄積異常または例えばＩ型糖尿病などの代謝疾患に関連する。いくつかの態様において、本明細書において提供される方法は、疾患または異常に関連する遺伝子産物をコードする遺伝子またはアレルに不活性化点変異を導入するために用いられる。例えば、いくつかの態様においては、不活性化点変異を癌遺伝子に導入するために（例えば、増殖性疾患の処置に）Ｃａｓ９ ＤＮＡ編集融合蛋白質を使用する方法が、本明細書において提供される。いくつかの態様においては、不活性化変異はコード配列中に未成熟ストップコドンを創り得、これが、短縮された遺伝子産物、例えば全長蛋白質の機能を欠く短縮された蛋白質の発現をもたらす。

【０２１３】

いくつかの態様において、本明細書において提供される方法の目的は、ゲノム編集によって、機能不全の遺伝子の機能を回復させることである。本明細書において提供されるＣａｓ９デアミナーゼ融合蛋白質は、例えばヒト細胞培養物の疾患関連変異を修正することによって、遺伝子編集に基づくヒト治療についてインビトロでバリデーションされ得る。本明細書において提供される融合蛋白質、例えばＣａｓ９ドメインと核酸デアミナーゼドメインとを含む融合蛋白質が、いずれかの単一のＴ→ＣまたはＡ→Ｇ点変異を修正するために用いられ得るということは当業者によって理解されるであろう。第１のケースにおいては、変異体ＣからＵに戻る脱アミノ化は変異を修正し、後者のケースにおいては、変異体Ｇと塩基対形成しているＣの脱アミノ化、次に複製の１ラウンドが変異を修正する。

【０２１４】

提供される融合蛋白質によってインビトロまたはインビボで修正され得る例示的な疾患に関係する変異は、ＰＩ３ＫＣＡ蛋白質のＨ１０４７Ｒ（Ａ３１４０Ｇ）多型である。ホスホイノシチド－３－キナーゼ触媒アルファサブユニット（ＰＩ３ＫＣＡ）蛋白質は、ホ

スファチジルイノシトールのイノシトール環の３－ＯＨ基をリン酸化するために働く。ＰＩ３ＫＣＡ遺伝子は多くの異なる癌腫において変異していることが見出されており、それゆえに、これは強力な癌遺伝子であると見なされる（５０）。事実、Ａ３１４０Ｇ変異は例えばＨＣＴ１１６、ＳＫＯＶ３、およびＴ４７Ｄ細胞株などの数個のＮＣＩ－６０癌細胞株に存在しており、これらはAmerican Type Culture Collection（ＡＴＣＣ）からたやすく利用可能である（５１）。

【０２１５】

いくつかの態様において、修正されるべき変異をはらむ細胞、例えば点変異、例えばＰＩ３ＫＣＡ蛋白質にＨ１０４７Ｒ置換をもたらすＰＩ３ＫＣＡ遺伝子のエキソン２０のＡ３１４０Ｇ点変異をはらむ細胞は、Ｃａｓ９デアミナーゼ融合蛋白質、およびコードするＰＩ３ＫＣＡ遺伝子中のそれぞれの変異部位に融合蛋白質をターゲティングする適切に設計されたｓｇＲＮＡをコードする発現コンストラクトと接触させられる。コントロール実験が行われ得、ｓｇＲＮＡは、ＰＩ３ＫＣＡ遺伝子内にある非Ｃ残基に融合酵素をターゲティングするように設計される。処置された細胞のゲノムＤＮＡが抽出され、ＰＩ３ＫＣＡ遺伝子の関係する配列がＰＣＲ増幅およびシーケンシングされて、融合蛋白質の活性をヒト細胞培養物によって評価し得る。

【０２１６】

ＰＩ３ＫＣＡの点変異を修正する例は例解の目的で提供されており、本開示を限定することを意味されていないということは理解されるであろう。当業者は、本開示のＤＮＡ編集融合蛋白質が、他の癌、および他の増殖性疾患を包含する癌以外の疾患に関連する他の点変異および変異を修正するために用いられ得るということを理解するであろう。

【０２１７】

疾患関連遺伝子およびアレルの点変異の上首尾な修正は、治療および基礎研究に用途を有する遺伝子修正のための新たな戦略を開く。Ｃａｓ９とデアミナーゼ酵素またはドメインとの開示される融合体のような、部位特異的な一塩基改変システムは、「逆」遺伝子治療にもまた用途を有し、ある種の遺伝子機能が故意に抑圧または喪失される。それらのケースにおいて、Ｔｒｐ（ＴＧＧ）、Ｇｌｎ（ＣＡＡおよびＣＡＧ）、またはＡｒｇ（ＣＧＡ）残基を未成熟ストップコドン（ＴＡＡ、ＴＡＧ、ＴＧＡ）に部位特異的変異させることは、インビトロ、エクスビボ、またはインビボで蛋白質機能を喪失させるために用いられ得る。

【０２１８】

本開示は、本明細書において提供されるＣａｓ９ ＤＮＡ編集融合蛋白質によって修正され得る点変異に関連するかまたはそれによって引き起こされる疾患と診断された、対象の処置のための方法を提供する。例えば、いくつかの態様においては、かかる疾患、例えば上に記載されているＰＩ３ＫＣＡ点変異に関連する癌を有する対象に、点変異を修正または疾患関連遺伝子に不活性化変異を導入するＣａｓ９デアミナーゼ融合蛋白質の有効量を投与することを含む方法が提供される。いくつかの態様において、疾患は増殖性疾患である。いくつかの態様において、疾患は遺伝子疾患である。いくつかの態様において、疾患は新生物疾患である。いくつかの態様において、疾患は代謝疾患である。いくつかの態様において、疾患はリソソーム蓄積症である。点変異を修正または疾患関連遺伝子に不活性化変異を導入することによって処置され得る他の疾患は、当業者には公知であろう。本開示はこの点で限定されない。

【０２１９】

本開示は、追加の疾患または異常、例えば、デアミナーゼによって媒介される遺伝子編集によって修正され得る点変異に関連するかまたはそれによって引き起こされる疾患または異常の処置のための方法を提供する。いくつかのかかる疾患は本明細書に記載されており、本明細書において提供される戦略および融合蛋白質によって処置され得る追加の好適な疾患は、本開示に基づいて当業者には明らかであろう。例示的な好適な疾患および異常が下に挙げられている。それぞれの配列中の特定の位置または残基の付番は、具体的な蛋白質および用いられる付番スキームに依存するということは理解されるであろう。付番は

、例えば成熟蛋白質の前駆体および成熟蛋白質それ自体では異なり得、種間の配列の違いは付番に影響し得る。当業者は、当分野において周知の方法によって、例えば配列アラインメントおよび相同な残基の決定によって、いずれかの相同な蛋白質およびそれぞれのコードする核酸中のそれぞれの残基を同定する能力があるであろう。例示的な好適な疾患および異常は、限定なしに、嚢胞性線維症（例えば、Schwank et al., Functional repair of CFTR by CRISPR/Cas9 in intestinal stem cell organoids of cystic fibrosis patients. Cell stem cell. 2013; 13: 653-658；およびWu et. al., Correction of a genetic disease in mouse via use of CRISPR-Cas9. Cell stem cell. 2013; 13: 659-662参照。これらのいずれも、遺伝子欠損を修正するためにデアミナーゼ融合蛋白質を用いてはいない）；フェニルケトン尿症－例えば、フェニルアラニンヒドロキシラーゼ遺伝子の位置８３５（マウス）もしくは２４０（ヒト）または相同な残基におけるフェニルアラニンからセリンへの変異（Ｔ＞Ｃ変異）－例えばMcDonald et al., Genomics. 1997; 39:402-405を参照；ベルナール・スーリエ症候群（ＢＳＳ）－例えば、血小板糖糖蛋白質ＩＸの位置５５もしくは相同な残基におけるフェニルアラニンからセリンへの変異、または残基２４もしくは相同な残基におけるシステインからアルギニン（Ｔ＞Ｃ変異）－例えばNoris et al., British Journal of Haematology. 1997; 97: 312-320およびAli et al., Hematol. 2014; 93: 381-384を参照；表皮剥離性角質増殖症（ＥＨＫ）－例えば、ケラチン１の位置１６０または１６１（開始メチオニンをカウントする場合）または相同な残基におけるロイシンからプロリンへの変異（Ｔ＞Ｃ変異）－例えばChipev et al., Cell. 1992; 70: 821-828を参照、www.uniprot.orgのUNIPROTデータベースのアクセッション番号P04264もまた参照；慢性閉塞性肺疾患（ＣＯＰＤ）－例えば、α１－アンチトリプシンのプロセシングされた形態の位置５４もしくは５５（開始メチオニンをカウントする場合）または相同な残基、あるいは非プロセシング形態の残基７８もしくは相同な残基におけるロイシンからプロリンへの変異（Ｔ＞Ｃ変異）－例えばPoller et al., Genomics. 1993; 17: 740-743を参照、UNIPROTデータベースのアクセッション番号P01011もまた参照；シャルコー・マリー・トゥース病４Ｊ型－例えば、ＦＩＧ４の位置４１または相同な残基におけるイソロイシンからトレオニンへの変異（Ｔ＞Ｃ変異）－例えばLenk et al, PLoS Genetics. 2011; 7: e1002104を参照；神経芽腫（ＮＢ）－例えば、カスパーゼ９の位置１９７または相同な残基におけるロイシンからプロリンへの変異（Ｔ＞Ｃ変異）－例えばKundu et al., 3 Biotech. 2013, 3:225-234を参照；フォン・ヴィレブランド病（ｖＷＤ）－例えば、フォン・ヴィレブランド因子のプロセシングされた形態の位置５０９もしくは相同な残基、またはフォン・ヴィレブラン因子の非プロセシング形態の位置１２７２もしくは相同な残基におけるシステインからアルギニンへの変異（Ｔ＞Ｃ変異）－例えばLavergne et al., Br. J. Haematol. 1992；82: 66-72を参照、UNIPROTデータベースのアクセッション番号P04275もまた参照；先天性ミオトニー－例えば、筋肉型塩化物イオンチャネル遺伝子ＣＬＣＮ１の位置２７７または相同な残基におけるシステインからアルギニンへの変異（Ｔ＞Ｃ変異）－例えばWeinberger et al., The J. of Physiology. 2012; 590: 3449-3464を参照；遺伝性腎アミロイドーシス－例えば、アポリポ蛋白質ＡＩＩのプロセシングされた形態の位置７８もしくは相同な残基、または非プロセシング形態の位置１０１もしくは相同な残基におけるストップコドンからアルギニンへの変異（Ｔ＞Ｃ変異）－例えばYazaki et al., Kidney Int. 2003; 64: 11-16を参照；拡張型心筋症（ＤＣＭ）－例えば、ＦＯＸＤ４遺伝子の位置１４８または相同な残基におけるトリプトファンからアルギニンへの変異（Ｔ＞Ｃ変異）、例えばMinoretti et. al., Int. J. of Mol. Med. 2007; 19: 369-372を参照；遺伝性リンパ浮腫－例えば、ＶＥＧＦＲ３チロシンキナーゼの位置１０３５または相同な残基におけるヒスチジンからアルギニンへの変異（Ａ＞Ｇ変異）、例えばIrrthum et al, Am. J. Hum. Genet. 2000; 67: 295-301を参照；家族性アルツハイマー病－例えば、プレセニリン１の位置１４３または相同な残基におけるイソロイシンからバリンへの変異（Ａ＞Ｇ変異）、例えばGallo et. al., J. Alzheimer’s disease. 2011; 25: 425-431を参照；プリオン病－例えば、プリオン蛋白質の位置１２９または相同な残基におけるメチオニンからバリンへの

変異（Ａ＞Ｇ変異）－例えばLewis et. al., J. of General Virology. 2006; 87: 2443-2449を参照；慢性乳児神経皮膚関節症候群（ＣＩＮＣＡ）－例えば、クリオピリンの位置５７０または相同な残基におけるチロシンからシステインへの変異（Ａ＞Ｇ変異）－例えばFujisawa et. al. Blood. 2007; 109: 2903-2911を参照；ならびにデスミン関連ミオパチー（ＤＲＭ）－例えば、αβクリスタリンの位置１２０または相同な残基におけるアルギニンからグリシンへの変異（Ａ＞Ｇ変異）－例えばKumar et al., J. Biol. Chem. 1999; 274: 24137-24141を参照、を包含する。全ての参照およびデータベースエントリーの内容全体は参照によって本明細書に組み込まれる。

【０２２０】

本発明の開示では、病原性のＴ＞ＣまたはＡ＞Ｇ変異を含む遺伝子のリストが提供され、それらは本発明で提供されるＣａｓ９融合蛋白質のいずれかを用いて修正することができる。本明細書においては、それらの遺伝子の名称、それらの各々の配列番号、それらの遺伝子のＩＤ、および変異部位に隣接する配列番号を示す。表４および５を参照。いかなる特定の理論にも拘束されないが、表４および５に示す変異は、古典的ＰＡＭ配列を欠く標的配列と結合することができる、本発明で提供されるＣａｓ９融合を使用して、修正できる。いくつかの態様において、Ｃａｓ９－デアミナーゼ融合蛋白質は、非古典的ＰＡＭに対する活性を示し、そのため、表４および５に列挙される全ての病原性Ｔ＞ＣまたはＡ＞Ｇ変異（配列番号６７４～２５３９および３１４４～５０８３）をそれぞれ修正できる。いくつかの態様において、Ｃａｓ９－デアミナーゼ融合蛋白質は、古典的ＰＡＭを認識し、そのため、古典的ＰＡＭ（例えば５’－ＮＧＧ－３’）を有する病原性Ｔ＞ＣまたはＡ＞Ｇ変異を修正できる。当然ながら、当業者であれば、ＲＮＡ（例えばｇＲＮＡ）を設計して、本明細書で提供されるＣａｓ９蛋白質または融合蛋白質のいずれかを用いて、いずれかの標的配列をターゲッティングし、本明細書に示されるいずれかの変異、例えば表４および５に示す変異を修正する方法を理解するであろう。本明細書において開示されるＣａｓ９／エフェクタードメイン融合蛋白質を、標的部位、例えば編集されるべき点変異を含む部位にターゲティングするためには、典型的には、Ｃａｓ９／エフェクタードメイン融合蛋白質をガイドＲＮＡ、例えばｓｇＲＮＡと一緒に共発現することが必要であるということは当業者には明らかであろう。本明細書の他所により詳細に説明されているように、典型的には、ガイドＲＮＡは、Ｃａｓ９結合を許すｔｒａｃｒＲＮＡフレームワークと、配列特異性をＣａｓ９／エフェクタードメイン融合蛋白質に付与するガイド配列とを含む。いくつかの態様において、ガイドＲＮＡは構造５’－［ガイド配列］－guuuuagagcuagaaauagcaaguuaaaauaaaggcuaguccguuaucaacuugaaaaaguggcaccgagucggugcuuuuu－３’（配列番号２８５）を含み、ガイド配列は、標的配列に対して相補的である配列を含む。典型的には、ガイド配列は２０ヌクレオチドの長さである。Ｃａｓ９／エフェクタードメイン融合蛋白質を特定のゲノム標的部位にターゲティングするための好適なガイドＲＮＡの配列は、本開示に基づいて当業者には明らかであろう。典型的には、かかる好適なガイドＲＮＡ配列は、編集されるべき標的ヌクレオチドの５０ヌクレオチド以内上流または下流の核酸配列に対して相補的であるガイド配列を含む。Ｃａｓ９：核酸編集酵素／ドメイン融合蛋白質を特定の標的配列にターゲティングするために好適ないくつかの例示的なガイドＲＮＡ配列が、下で提供されている。

【０２２１】

キット、ベクター、細胞

本開示のいくつかの側面は、（ａ）本明細書において提供されるＣａｓ９蛋白質またはＣａｓ９融合蛋白質をコードするヌクレオチド配列と；（ｂ）（ａ）の配列の発現を駆動する異種プロモーターとを含む、核酸コンストラクトを含むキットを提供する。いくつかの態様において、キットは、さらに、ガイドＲＮＡバックボーンをコードする発現コンストラクトを含み、コンストラクトは、ガイドＲＮＡバックボーン中への標的配列と同一または相補的な核酸配列のクローニングを許すように位置したクローニング部位を含む。

【０２２２】

本開示のいくつかの側面は、本明細書において提供される融合蛋白質のＣａｓ９蛋白質

をコードするポリヌクレオチドを提供する。本開示のいくつかの側面は、かかるポリヌクレオチドを含むベクターを提供する。いくつかの態様において、ベクターは、ポリヌクレオチドの発現を駆動する異種プロモーターを含む。

【０２２３】

本開示のいくつかの側面は、本明細書において提供されるＣａｓ９蛋白質、融合蛋白質、核酸分子、ならびに／またはベクターを含む細胞を提供する。

【０２２４】

本明細書のレポーターシステムの例示的な態様の記載は、例解の目的でのみ提供されており、限定することを意味されていない。追加のレポーターシステム、例えば上で詳細に記載されている例示的なシステムのバリエーションもまた、本開示によって包摂される。

【０２２５】

例１：ＰＡＭ配列抑制のないＣａｓ９のＰＡＣＥ進化

ＰＡＭライブラリーの構築

４つの異なるプロトスペーサー標的配列を合成した：Doench１　５’－AAGAGAGACAGTACATGCCC－３’（配列番号２８６）、Doench２　５’－GGAGCCCACCGAGTACCTGG－３’（配列番号２８７）、G7’　５’－AGTCTCCTCAGCAAAACGAA－３’（配列番号２８８）、およびVEGF Target２　５’－GACCCCCTCCACCCCGCCTC－３’（配列番号２８９）。プロトスペーサー標的配列ごとに、３’－ＮＮＮ ＰＡＭライブラリーを構築した。古典的ＰＡＭ配列は５’－ＮＧＧ－３’であり（例えば、［Doench 1］－［古典的ＰＡＭ］標的配列は、５’－［AAGAGAGACAGTACATGCCC］－［ＮＧＧ］－３’（配列番号２９１）であり、一方、各プロトスペーサー標的配列のための３’－ＮＮＮ ＰＡＭライブラリーは、完全にランダムなＰＡＭ配列を含むものであった（例えば、Doench１　５’－AAGAGAGACAGTACATGCCCＮＮＮ－３’（配列番号２９０）、Ｎはいずれかのヌクレオチドを表す）。ゆえにＮＮＮ ＰＡＭライブラリーは、それぞれのプロトスペーサー標的配列の３’末端において、ＰＡＭ配列のあらゆる可能な組み合わせが含まれるものであった。

【０２２６】

ω－ｄＣａｓ９ルシフェラーゼアッセイにおける、ＰＡＭライブラリーに対するＣａｓ９の活性試験

細菌ルシフェラーゼ活性化アッセイを用いてＣａｓ９活性を試験した。当該アッセイでは、ｄＣａｓ９と大腸菌ＲＮＡポリメラーゼ（ｒｐｏＺ）のωサブユニットとの融合蛋白質（例えばBikard et al., Nucleic Acids Res. 2013 Aug; 41(15): 7429-7437を参照）が、ｓｇＲＮＡにより標的とされうる配列を含む弱いプロモーターの制御下の核酸によりコードされるルシフェラーゼの産生を促進する。各ＰＡＭライブラリーを、かかる弱いプロモーターを含むプラスミドにクローニングし、そこでは、［標的配列］－［ＰＡＭライブラリー］核酸配列は、ｓｇＲＮＡにより標的とされうる配列として機能する。プロモーターにＰＡＭライブラリーをクローニングし、古典的ＰＡＭおよびランダムＰＡＭライブラリーの両方について、４つすべてのプロトスペーサー標的に対するω－ｄＣａｓ９アッセイを実施した。図１は、ＰＡＭライブラリーに対する野生型のS. pyogenesのＣａｓ９の活性を示す。

【０２２７】

ＰＡＭライブラリーにおけるＣａｓ９の進化

S. pyogenesのｄＣａｓ９を、ＲＮＡポリメラーゼのωユニットに融合させた。得られるω－ｄＣａｓ９融合蛋白質を、ｐＩＩＩ（伝染性ファージ粒子の生成に必要な遺伝子）をコードする遺伝子の機能性バージョンを除き全てのＭ１３ファージゲノムを含む、Ｍ１３ファージベースの選抜ファージミド（ＳＰ）にクローニングした。ｐＩＩＩをコードするファージ遺伝子を、ω－ｄＣａｓ９によって転写が活性化されるプロモーターの制御下、別々のプラスミド（アクセサリープラスミド、ＡＰ）に挿入した。ＰＡＭライブラリーを、アクセサリープラスミドのプロモーター領域にクローニングした。ＰＡＭ抑制のないＣａｓ９蛋白質の定方向進化のために使用する宿主細胞に、アクセサリープラスミドを導

入した。それにより、選抜ファージによる感染の際、所与の宿主細胞によって産生される伝染性ファージ粒子の量は、選抜ファージによってコードされ、アクセサリープラスミドのプロモーターで制御される、ｐＩＩＩ蛋白質の産生のために必要とされるω－ｄＣａｓ９融合蛋白質の活性に依存する。ゆえに、アクセサリープラスミドは、異なる非古典的ＰＡＭ配列に対する活性が増加したω－ｄＣａｓ９融合蛋白質変異体をコードするそれらの選抜ファージに選択有利性を与える。

【０２２８】

ラグーンを付与し、アクセサリープラスミドを有する宿主細胞のフローをラグーンに沿って発生させた。宿主細胞を選抜ファージミドと接触させ、その結果、ラグーンに沿った宿主細胞のフロー内に拡散した選抜ファージの集団が得られた。ファージ感染した宿主細胞をラグーンから取り除き、新しい、感染していない宿主細胞をラグーン内に所定の速度で入れ、その結果、ラグーン内に残存する宿主細胞は、平均時間において、宿主細胞の細胞分割間の平均時間より短いが、Ｍ１３ファージの平均寿命時間よりも長かった。

【０２２９】

定方向進化実験の間にＣａｓ９変異体を作製するため、ラグーン内の宿主細胞を、変異率が上昇する条件下でインキュベートした。宿主細胞は変異導入プラスミド（ＭＰ）を有しており、それは変異導入率を上昇させ、それにより、ファージの寿命の間に、選抜ファージミドによりコードされるω－ｄＣａｓ９融合蛋白質に変異が導入された。ラグーンに沿った宿主細胞のフロー速度によって、平均時間において、ラグーンに残留する宿主細胞が宿主細胞の分割間の平均的時間より短くなるため、ラグーン内の宿主細胞は、それらのゲノムにおける、またはアクセサリープラスミドにおける、変異導入プラスミドによって付与される変異導入率の上昇に由来する変異を蓄積することができない。しかしながら、選抜ファージは、宿主細胞のフロー中でラグーンにおいて複製し、ゆえに、時間とともに変異を蓄積し、その結果、新規な、進化したω－ｄＣａｓ９融合蛋白質変異体の作製をもたらす。

【０２３０】

これらの進化したω－ｄＣａｓ９融合蛋白質変異体のいずれかが、ＰＡＭライブラリーを含むアクセサリープラスミドに対する活性を増加させる変異を含む場合、これが直接、それぞれのω－ｄＣａｓ９融合蛋白質変異体をコードする選抜ファージに感染した宿主細胞によるｐＩＩＩのさらなる産生へと移行する。ｐＩＩＩの産生増加は次に、より感染性の高い選抜ファージ粒子の作製をもたらし、それは時間とともに、かかる変異を有さない選抜ファージに対して、かかる有利な変異を有する変異体選抜ファージに対して競争的優位性をもたらす。所定の時間後、アクセサリープラスミドによって加えられる選抜圧の付与は、有利な変異を取得した選抜ファージを、宿主細胞のフロー中における複製が可能という意味で優勢種に位置づけ、一方、変異のない、または、不利な変異を有する選抜ファージは、ラグーンから洗浄除去される。

【０２３１】

ＰＡＭライブラリーに対するω－ｄＣａｓ９融合蛋白質の活性が、実験の始めでは非常に低かったため、ＰＡＭライブラリーを含むアクセサリープラスミドを有する宿主細胞における選抜ファージミドの終夜にわたる複数回の増殖を行い、非古典的ＰＡＭ配列に対する活性が増加したＣａｓ９変異体を進化させた。定方向進化実験終了後、選抜ファージの進化した集団をラグーンから分離し、代表的なクローンをいくつかアッセイに供し、有利な変異を有するＣａｓ９変異体を検出した。観察される全ての変異が有利な表現型を与えるものであるが、複数のクローンによって、または全てのクローンによって共有される変異は、特に興味深い。

【０２３２】

Ｃａｓ９ ＰＡＣＥからの変異

上記のＰＡＭライブラリーのアクセサリープラスミドを使用した定方向進化実験から、多くの選抜ファージのクローンを単離した。いくつかの例示的なクローンのＣａｓ９のアミノ酸配列において同定された変異を、下記の表１に示す（残基の付番は配列番号９に従

う）：
【表１】

クローン	変異				
１			D182		E1219V
２		H137	D182		E1219V
３			D182	G660	E1219V
４	I122		D182		E1219V

表1:PACEにおいて同定されたCas9の変異(残基の付番は配列番号9に従う)

【０２３３】
クローン１～４を、上記のω－ｄＣａｓ９ルシフェラーゼ活性化アッセイにおいて試験した。ＰＡＭライブラリー全体を試験したとき、様々なクローンがルシフェラーゼの発現上昇を示した（図２－ 定方向進化の後のＰＡＭライブラリーに対する例示的な進化型クローンのＣａｓ９活性）。
【０２３４】
非古典的ＰＡＭ配列に対するＣａｓ９活性の改良
非古典的ＰＡＭを有する標的配列に対する進化型Ｃａｓ９蛋白質の活性をさらに詳細に評価した。クローン４（Ｉ１２２、Ｄ１８２およびＥ１２１９Ｖ変異を有する）の相対活性を、様々な［Doench２ ５’－GGAGCCCACCGAGTACCTGG－３’、配列番号２８７］－［ＰＡＭ］標的配列に対して、ω－ｄＣａｓ９ルシフェラーゼ活性化アッセイで試験し、野生型ｄＣａｓ９の活性と比較した。
【０２３５】
非古典的ＰＡＭ配列に対するＣａｓ９活性の改良
非古典的ＰＡＭを有する標的配列に対する進化型Ｃａｓ９蛋白質の活性をさらに詳細に評価した。クローン４（Ｉ１２２、Ｄ１８２およびＥ１２１９Ｖ変異を有する）の相対活性を、様々な［Doench２ ５’－GGAGCCCACCGAGTACCTGG－３’、配列番号２８７］－［ＰＡＭ］標的配列に対して、ω－ｄＣａｓ９ルシフェラーゼ活性化アッセイで試験し、野生型ｄＣａｓ９の活性と比較した。データを表２に示す。

【表２】

PAM	クローン4 dCas9ルシフェラーゼ活性	野生型 dCas9ルシフェラーゼ活性
GTC	44.84	4.07
AGC	25.01	4.42
GAG	186.22	73.60
TTT	36.49	3.96
GTG	119.53	6.86
AGG	238.29	244.27
CAA	13.90	5.28

表2:各種のPAM配列に対するクローン4の相対活性

【０２３６】

例２：いかなるＰＡＭ配列抑制のないＣａｓ９のＰＡＣＥ進化

ＮＮＮ－ＰＡＭライブラリーに対するω－ｄＣａｓ９融合蛋白質の活性が非常に低かったため、ＰＡＣＥ実験の第２ラウンドを実施した。本ラウンドでは、ω－ｄＣａｓ９融合蛋白質集団の多様化の第一フェーズを選択圧の非存在下、ω－ｄＣａｓ９融合蛋白質活性に依存しないｐＩＩＩの給源を供給することにより実施した。最初の多様化ステージにより、選択圧が実験全般にわたって適用されるＰＡＣＥ実験においては得られない変異が生じた。

【０２３７】

Ｄ１０ＡおよびＨ８４０Ａ変異を有する、配列番号８として示されるｄＣａｓ９配列を有するω－ｄＣａｓ９融合蛋白質を有する選抜ファージを、１０３０宿主細胞において、ＭＰ６変異生成プラスミドと共に、アラビノースの存在下で増殖させ、ω－ｄＣａｓ９融合蛋白質変異体のライブラリーをコードする変異選抜ファージのライブラリーを構築した。宿主細胞の個々のプラスミドから、この最初の多様化ステージの間、ＰＩＩＩを発現させた。終夜（１２時間）の多様化後、弱いプロモーター制御下でクローニングされたＮＮＮ ＰＡＭライブラリーを含む、ガイドＲＮＡの標的配列としてのアクセサリープラスミドと、変異導入プラスミドとを有する１０３０宿主細胞を対数増殖させ、ラグーンに沿った宿主細胞のフローを行うための宿主細胞の給源として用いた。ラグーン内の細胞を、終夜培養から得た多様化された選抜ファージにより感染させた。ラグーン内の宿主細胞をアラビノースと接触させ、変異導入プラスミドからの変異誘導性遺伝子の発現レベルを高い状態に維持した。

【０２３８】

最初のファージ力価は、約１０８ｐｆｕ／ｍＬであった。上記のように弱いプロモーター制御下でｐＩＩＩを発現させるアクセサリープラスミドにクローニングした４つのＮＮＮ－ＰＡＭライブラリー（［Doench 1］－［ＮＮＮ－ＰＡＭ］、［Doench 2］－［ＮＮＮ－ＰＡＭ］、［G7］－［ＮＮＮ－ＰＡＭ］および［ＶＥＧＦ標的］－［ＮＮＮ－ＰＡＭ］）の各々においてＰＡＣＥ実験を実施した。ＰＡＣＥ実験の間、ファージ力価をモニターした。徐々に１０４ｐｆｕ／ｍＬへのファージ力価の低下が観察された。その時点でファージ集団をラグーンから単離し、別のｐＩＩＩの給源（ｐｓｐ誘導型ｐＩＩＩ）を含む２２０８宿主細胞内で増殖させた。この低いストリンジェンシーによる増殖期間の後、新しいラグーンにおけるｐＩＩＩの唯一の給源としてのアクセサリープラスミドを有する新

しい宿主細胞に、上清の１：１００の希釈液を添加し、ＰＡＣＥ実験を継続させた。ファージ力価の低下は、２２０８細胞におけるこの低ストリンジェンシー培養後は観察されなかった。

【０２３９】

一実験例として、ＰＡＣＥ実験を７２時間実施した。その時間の後、２４個の生存クローンをラグーンから単離し、シークエンシングし、解析した。同定された変異には、Ａ２６２Ｔ、Ｋ２９４Ｒ、Ｓ４０９Ｉ、Ｍ６９４Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３ＤおよびＥ１２１９Ｖ（配列番号９のアミノ酸の付番に従う）が含まれていた。他の実験例において、１５日間の培養の後、生存クローンを単離した。同定されたｄＶａｓ９変異体の活性を、ω－ｄＣａｓ９ルシフェラーゼアッセイにおいて解析した。非古典的ＰＡＭ標的配列に対する最高のω－ｄＣａｓ９融合蛋白質活性を有するクローンは、以下の変異を有していた：Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９ＶおよびＴ１３２９。

【０２４０】

Ｃａｓ９による、哺乳動物におけるＧＦＰの活性化

野生型ｄＣａｓ９（配列番号９）および進化型Ｃａｓ９の両クローンを、Ｈｅｋ２９３Ｔ細胞におけるｄＣａｓ９－ＧＦＰアッセイにおいて試験した。細胞を、［ｇＲＮＡ標的配列］－［ＰＡＭ］配列を含む、弱いプロモーターの制御によりＧＦＰコード配列を発現させるレポーター構築物と接触させた。転写アクチベーターＶＰ６４－ｐ６５－Ｒｔａ（ＶＰＲ）に結合させたｄＣａｓ９（野生型およびＰＡＣＥ変異体）の融合蛋白質を作製し、ＨＥＫ２９３細胞のＧＦＰレポーターを活性化させるそれらの能力について、各種のｄＣａｓ９－ＶＰＲ変異体を試験した。

【０２４１】

以下の４つのプラスミドそれぞれによってＨｅｋ２９３Ｔをトランスフェクションした：ｄＣａｓ９－ＶＰＲ発現プラスミド、ＧＦＰレポータープラスミドのｇＲＮＡ標的配列を標的とするｓｇＲＮＡを発現するプラスミド、ＧＦＰレポータープラスミド、およびｉＲＦＰトランスフェクションコントロール。ある実験では、ＨＥＫ２９３細胞を、ＴＡＡ ＰＡＭを含むＧＦＰレポーターと接触させ、他の実験では、ＨＥＫ２９３細胞を、ＮＮＮ ＰＡＭライブラリーを含むレポータープラスミドの集団と接触させた。トランスフェクションの４８時間後に細胞を回収し、ＧＦＰ発現細胞をBD LSR-FORTESSAセルアナライザーを用いて定量化した。

【０２４２】

図３－ Ｃａｓ９による哺乳動物におけるＧＦＰ活性化

野生型Ｃａｓ９と比較し、進化型Ｃａｓ９ｓは、ＴＡＡ ＰＡＭ（上記のネガティブコントロール細胞０．６０パーセントに対し、２１．０８パーセント）およびＮＮＮ ＰＡＭライブラリー（上記のネガティブコントロール細胞の３．３８パーセントに対し、２２．７６パーセント）に対して非常に高い活性を示した。

【０２４３】

非古典的ＰＡＭを有する標的配列に対する進化型Ｃａｓ９の切断活性

ＰＡＣＥ変異がＰＡＭ抑制のないＣａｓ９活性を普遍的に付与することを立証するため、Ｄ１０ＡおよびＨ８４０Ａ変異はないが、様々なＰＡＣＥ変異を有する配列に基づいてヌクレアーゼ活性Ｃａｓ９蛋白質を作製した。進化型Ｃａｓ９変異体をＣａｓ９ ＧＦＰアッセイにおいて試験し、進化型Ｃａｓ９蛋白質変異体の、非古典的ＰＡＭを有する配列を標的とするガイドＲＮＡを使用し、ＨＥＫ２９３細胞のゲノムに組み込まれたｅｍＧＦＰ遺伝子を標的として不活性化する能力を評価した。観察の結果、野生型ヌクレアーゼ活性Ｃａｓ９（配列番号９）と接触したときは、細胞の６．４５パーセントがＧＦＰ発現の低下を示したが、進化型Ｃａｓ９（Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｅ１２１９ＶおよびＴ１３２９）と接触した細胞では、５４．５５パーセントがＧＦＰ発現の低下を示した。

【０２４４】

例３：ＰＡＭ抑制のないＣａｓ９変異体

非古典的ＰＡＭ配列にＣａｓ９活性を与える有利な変異を、S. pyogenesの野生型配列

にマップ化した。その例示的なＣａｓ９配列（配列番号９の各アミノ酸残基に従い、アスタリスク表示のＤ１０およびＨ８４０残基を有するS. pyogenesのＣａｓ９）を下記に示す。配列番号９のＤ１０およびＨ８４０残基を変異させることにより、ヌクレアーゼ不活性なＣａｓ９（例えばＤ１０ＡおよびＨ８４０Ａ）の作製、またはニッカーゼＣａｓ９（例えばＤ１０ＡとＨ８４０を有するか、またはＤ１０とＨ８４０Ａを有する）の作製が可能となる。ＨＮＨドメイン（太字および下線部）およびＲｕｖＣドメイン（囲い文字）を示す。様々なＰＡＣＥ実験から単離されたクローンに存在する変異残基として、アミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９を、各アミノ酸残基に基づき、アスタリスクで識別する。

【数３４】

MDKK**YSIGLD*IGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGET**AEATRLKRTARRRYTR
RKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNI*VDEVAYHEKYPTIYH*LRKKLVDSTD
KADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVD*KLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRR
LENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDA*KLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAK*
NLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQ
EEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGS*IPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKI
LTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEE*VVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEY
FTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGE*QKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASL
GTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWG*RLSRK
LINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFM*QLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQ
TVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQK**GQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLY
YLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDH*IVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLN
AKLITQRKFDNLTK**AERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLV
SDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFF
YSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPK
RNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYK
EVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGE*LQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQH
KHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDT*TIDRKRY
TSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号９）

【０２４５】

非古典的ＰＡＭ配列にＣａｓ９活性を付与する有利な変異を、さらなる例示的な野生型Ｃａｓ９配列にマップ化した。ＨＮＨドメイン（太字および下線部）およびＲｕｖＣドメイン（囲い）を示す。配列番号９内の変異残基と相同な残基として、アミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９を、各アミノ酸残基に基づき、アスタリスクで識別する。さらに、ｄＣａｓ９蛋白質変異体において変異するアミノ酸残基１０および８４０も、アスタリスクにより識別する。

【数３５】

MDKK**YSIGLD*IGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFGSGET**AEATRLKRTARRRYTR
RKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNI*VDEVAYHEKYPTIYH*LRKKLADSTD
KADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVD*KLFIQLVQIYNQLFEENPINASRVDAKAILSARLSKSRR
LENLIAQLPGEKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDA*KLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAK*
NLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQ
EEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGS*IPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKI
LTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEE*VVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEY
FTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGE*QKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASL
GAYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDRGMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWG*RLSRK
LINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFM*QLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGHSLHEQIANLAGSPAIKKGILQ
TVKIVDELVKVMGHKPENIVIEMARENQTTQK**GQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLYY
LQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDH*IVPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNA
KLITQRKFDNLTK**AERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVS
DFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFFY
SNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKR
NSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYKE
VKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGE*LQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHK
HYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDT*TIDRKRYT
STKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号２９７）

【数３６】

MDKK**YSIGLA*IGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGET**AEATRLKRTARRRYTR
RKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNI*VDEVAYHEKYPTIYH*LRKKLVDSTD
KADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVD*KLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRR
LENLIAQLPGEKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDA*KLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAK*
NLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQ
EEFYKFIKPILEKMDGTEELLVKLNREDLLRKQRTFDNGS*IPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKI
LTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEETITPWNFEE*VVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEY
FTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGE*QKKAIVDLLFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDRFNASL
GTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKRRRYTGWG*RLSRK
LINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFM*QLIHDDSLTFKEDIQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQ
TVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTTQK**GQKNSRERMKRIEEGIKELGSQILKEHPVENTQLQNEKLYLY
YLQNGRDMYVDQELDINRLSDYDVDH*IVPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLN
AKLITQRKFDNLTK**AERGGLSELDKAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLV
SDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQEIGKATAKYFF
YSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKGRDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPK
RNSDKLIARKKDWDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKVEKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPIDFLEAKGYK
EVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGE*LQKGNELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQH
KHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKHRDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDT*TIDRKRY
TSTKEVLDATLIHQSITGLYETRIDLSQLGGD

（配列番号２９８）

＞gi 504540549｜ref｜014727651.1｜ＩＩ型ＣＲＩＳＰＲ ＲＮＡガイド付きエンドヌクレアーゼ(type II CRISPR RNA-guided endonuclease)Ｃａｓ９ [Streptococcus thermophilus]

【数３７】

MTKP**YSIGLD*IGTNSVGWAVITDNYKVPSKKMKVLGNTSKKYIKKNLLGVLLFDSGIT**AEGRRLKRTARRRYTR
RRNRILYLQEIFSTEMATLDDAFFQRLDDSFLVPDDKRDSKYPIFGNL*VEEKAYHDEFPTIYH*LRKYLADSTK
KADLRLVYLALAHMIKYRGHFLIEGEFNSKNNDIQ*KNFQDFLDTYNAIFESDLSLENSKQLEEIVKDKISKLEK
KDRILKLFPGEKNSGIFSEFLKLIVGNQADFRKCFNLDEKA*SLHFSKESYDEDLETLLGYIGDDYSDVFLKAK*
KLYDAILLSGFLTVTDNETEAPLSSAMIKRYNEHKEDLALLKEYIRNISLKTYNEVFKDDTKNGYAGYIDGKTNQ
EDFYVYLKNLLAEFEGADYFLEKIDREDFLRKQRTFDNGS*IPYQIHLQEMRAILDKQAKFYPFLAKNKERIEKI
LTFRIPYYVGPLARGNSDFAWSIRKRNEKITPWNFED*VIDKESSAEAFINRMTSFDLYLPEEKVLPKHSLLYET
FNVYNELTKVRFIAESMRDYQFLDSK*QKKDIVRLYFKDKRKVTDKDIIEYLHAIYGYDGIELKGIEKQFNSSLS
TYHDLLNIINDKEFLDDSSNEAIIEEIIHTLTIFEDREMIKQRLSKFENIFDKSVLKKLSRRHYTGWG*KLSAKL
INGIRDEKSGNTILDYLIDDGISNRNFM*QLIHDDALSFKKKIQKAQIIGDEDKGNIKEVVKSLPGSPAIKKGIL
QSIKIVDELVKVMGGRKPESIVVEMARENQYTNQ**GKSNSQQRLKRLEKSLKELGSKILKENIPAKLSKIDNNALQ
NDRLYLYYLQNGKDMYTGDDLDIDRLSNYDIDH*IIPQAFLKDNSIDNKVLVSSASNRGKSDDFPSLEVVKKRKT
FWYQLLKSKLISQRKFDNLTK**AERGGLLPEDKAGFIQRQLVETRQITKHVARLLDEKFNNKKDENNRAVRTVKII
TLKSTLVSQFRKDFELYKVREINDFHHAHDAYLNAVIASALLKKYPKLEPEFVYGDYPKYNSFRERKSATEKVYF
YSNIMNIFKKSISLADGRVIERPLIEVNEETGESVWNKESDLATVRRVLSYPQVNVVKKVEEQNHGLDRGKPKGL
FNANLSSKPKPNSNENLVGAKEYLDPKKYGGYAGISNSFAVLVKGTIEKGAKKKITNVLEFQGISILDRINYRKD
KLNFLLEKGYKDIELIIELPKYSLFELSDGSRRMLASILSTNNKRGE*IHKGNQIFLSQKFVKLLYHAKRISNTI
NENHRKYVENHKKEFEELFYYILEFNENYVGAKKNGKLLNSAFQSWQNHSIDELCSSFIGPTGSERKGLFELTSR
GSAADFEFLGV*KIPRYRDYTPSSLLKDATLIHQSVTGLYETRIDLAKLGEG

（配列番号２６０）

＞gi 924443546｜Staphylococcus Aureus Ｃａｓ９

【数３８】

GSHMKRN**YILGLD*IGITSVGYGIIDYETRDVIDAGVRLFKEANVEN**NEGRRSKRGARRLKRRRRHRIQRVKKLL
FDYNLLTDHSELSGINP*YEARVKGLSQKLSEEEFSAALLHLAKRRGVHNVNEVEEDTGNELST*KEQISRNSKA
LEEKYVAELQLERLKKDGEVRGSINRFKTSDYVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYEGPGEGS
PFGWKDIKEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNNLVITRDENEKLEYY*EKFQIIENVFKQKKK
PTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTSTGKPEFTNLKVYHDIKDITARKEIIENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQEEL
TNLNSELTQEEIEQISNLKGYTGTH*NLSLKAINLILDELWHTNDNQIAIFNRL*KLVPKKVDLSQQKEIPTTLV
DDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYGLPNDIIIELAREKNSKDAQKMINE**MQKRNRQTNERIEEIIRTTGKEN
AKYLIEKIKLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLNNPFNYEVDH*IIPRSVSFDNSFNNKVLVKQEEASKKGNRTPFQ
YLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISK**TKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNLVDTRYATRGLMNLLRSYFR
VNNLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKGYKHHAEDALIIANADFIFKEWKKLDKAKKVMENQMFEEKQAES
MPEIETEQEYKEIFITPHQIKHIKDFKDYKYSHRVDKKPNRELINDTLYSTRKDDKGNTLIVNNLNGLYDKDNDK
LKKLINKSPEKLLMYHHDPQTYQKLKLIMEQYGDEKNPLYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAH
LDITDDYPNS*RNKVVKLSLKPYRFDVYLDNGVYKFVTVKNLDVIKKENYYEVNSKAYEEAKKLKKISNQAEFIA
SFYNNDLIKINGELYRVIGVNNDLLNRIEVNMIDITYREYLEN*MNDKRPPRIIKTIASKTQSIKKYSTDILGNL
YEVKSKKHPQIIKKG

（配列番号２６１）

【０２４６】

本発明の開示は、本明細書に記載の、アスタリスクにより識別されるアミノ酸残基の１以上が変異したＣａｓ９変異体の提供に関する。いくつかの態様において、Ｄ１０およびＨ８４０残基を例えばアラニン残基に変異させ、さらにＣａｓ９変異体は本願明細書に示されるアスタリスク表示のアミノ酸残基の１以上を変異させる。いくつかの態様において、Ｄ１０残基を例えばアラニン残基に変異させ、さらにＣａｓ９変異体は本明細書に示されるアスタリスク表示のアミノ酸残基の１以上を変異させる。

【０２４７】

種々の種からのいくつものＣａｓ９配列をアラインメントして、対応する相同なアミノ酸残基が他のＣａｓ９蛋白質中に同定され、相同なアミノ酸残基の対応する変異を有するＣａｓ９バリアントの生成を許し得るかどうかを決定した。アラインメントはNCBI Constraint-based Multiple Alignment Tool（COBALT（st-va.ncbi.nlm.nih.gov/tools/

cobaltにおいてアクセス可能）を用いて、次のパラメータによって実施した。アラインメントパラメータ：Gap Penalties -11,
-1；End-Gap Penalties -5、-1。CDD Parameters：Use RPS BLAST オン；Blast E-value 0.003；Find Conserved columns and Recompute オン。Query Clustering Parameters：Use query clusters オン；Word Size 4；Max cluster distance 0.8；Alphabet Regular。

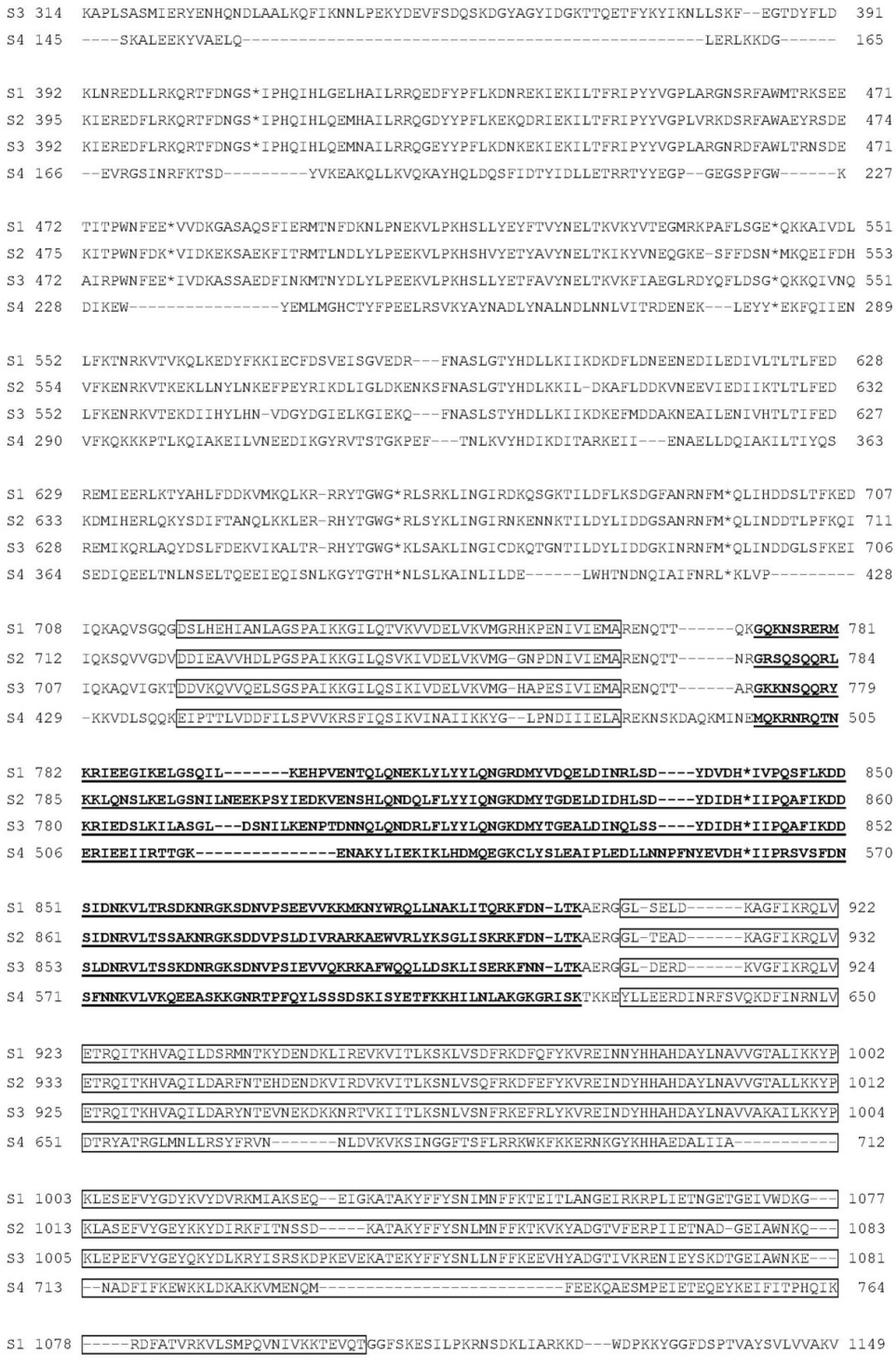
【０２４８】

４つのＣａｓ９配列の例示的なアラインメントを下に提供する。アラインメント中のＣａｓ９配列は、配列１（Ｓ１）：配列番号１０｜WP_010922251｜gi 499224711｜ＩＩ型ＣＲＩＳＰＲ ＲＮＡガイド付きエンドヌクレアーゼＣａｓ９ [Streptococcus pyogenes]；配列２（Ｓ２）：配列番号１１｜WP_039695303｜gi 746743737｜ＩＩ型ＣＲＩＳＰＲ ＲＮＡガイド付きエンドヌクレアーゼＣａｓ９ [Streptococcus gallolyticus]；配列３（Ｓ３）：配列番号１２｜WP_045635197｜gi 782887988｜ＩＩ型ＣＲＩＳＰＲ ＲＮＡガイド付きエンドヌクレアーゼＣａｓ９ [Streptococcus mitis]；配列４（Ｓ４）：配列番号１３｜5AXW_A｜gi 924443546｜Staphylococcus aureus Ｃａｓ９である。ＨＮＨドメイン（太字かつ下線）およびＲｕｖＣドメイン（枠囲み）が４つの配列のそれぞれについて同定されている。Ｓ１中のアミノ酸残基１０、１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、８４０、１２１９、および１３２９とアラインメントされた配列中の相同なアミノ酸とは、それぞれのアミノ酸残基の次のアスタリスクによって同定されている。

【数３９】

```
S1 1    --MDKK-YSIGLD*IGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLI--GALLFDSG--ETAEATRLKRTARRRYT  73
S2 1    --MTKKNYSIGLD*IGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKKYIKKNLL--GALLFDSG--ETAEATRLKRTARRRYT  74
S3 1    --M-KKGYSIGLD*IGTNSVGFAVITDDYKVPSKKMKVLGNTDKRFIKKNLI--GALLFDEG--TTAEARRLKRTARRRYT  73
S4 1    GSHMKRNYILGLD*IGITSVGYGII--DYET----------------RDVIDAGVRLFKEANVENNEGRRSKRGARRLKR  61

S1 74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEESFLVEEDKKHERHPIFGNI*VDEVAYHEKYPTIYH*LRKKLVDSTDKADLRL 153
S2 75   RRKNRLRYLQEIFANEIAKVDESFFQRLDESFLTDDDKTFDSHPIFGNK*AEEDAYHQKFPTIYH*LRKHLADSSEKADLRL 154
S3 74   RRKNRLRYLQEIFSEEMSKVDSSFFHRLDDSFLIPEDKRESKYPIFATL*TEEKEYHKQFPTIYH*LRKQLADSKEKTDLRL 153
S4 62   RRRHRIQRVKKLL--------------FDYNLLTD--------------------HSELSGINP*YEARVKGLSQKLSEEE 107

S1 154  IYLALAHMIKFRGHFLIEGDLNPDNSDVD*KLFIQLVQTYNQLFEENPINASGVDAKAILSARLSKSRRLENLIAQLPGEK  233
S2 155  VYLALAHMIKFRGHFLIEGELNAENTDVQ*KIFADFVGVYNRTFDDSHLSEITVDVASILTEKISKSRRLENLIKYYPTEK  234
S3 154  IYLALAHMIKYRGHFLYEEAFDIKNNDIQ*KIFNEFISIYDNTFEGSSLSGQNAQVEAIFTDKISKSAKRERVLKLFPDEK  233
S4 108  FSAALLHLAKRRG----------------------VHNVNEVEEDT---------------------------------  131

S1 234  KNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNFDLAEDA*KLQLSKDTYDDDLDNLLAQIGDQYADLFLAAK*NLSDAILLSDILRVNTEIT 313
S2 235  KNTLFGNLIALALGLQPNFKTNFKLSEDA*KLQFSKDTYEEDLEELLGKIGDDYADLFTSAK*NLYDAILLSGILTVDDNST 314
S3 234  STGLFSEFLKLIVGNQADFKKHFDLEDKA*PLQFSKDTYDEDLENLLGQIGDDFTDLFVSAK*KLYDAILLSGILTVTDPST 313
S4 132  -----GNELS----------------T*KEQISRN------------------------------------------- 144

S1 314  KAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQLPEKYKEIFFDQSKNGYAGYIDGGASQEEFYKFIKPILEKM--DGTEELLV  391
S2 315  KAPLSASMIKRYVEHHEDLEKLKEFIKANKSELYHDIFKDKNKNGYAGYIENGVKQDEFYKYLKNILSKIKIDGSDYFLD  394
```

【数４０】


S3 314 KAPLSASMIERYENHQNDLAALKQFIKNNLPEKYDEVFSDQSKDGYAGYIDGKTTQETFYKYIKNLLSKF--EGTDYFLD 391
S4 145 ----SKALEEKYVAELQ----------LERLKKDG------ 165
S1 392 KLNREDLLRKQRTFDNGS*IPHQIHLGELHAILRRQEDFYPFLKDNREKIEKILTFRIPYYVGPLARGNSRFAWMTRKSEE 471
S2 395 KIEREDFLRKQRTFDNGS*IPHQIHLQEMHAILRRQGDYYPFLKEKQDRIEKILTFRIPYYVGPLVRKDSRFAWAEYRSDE 474
S3 392 KIEREDFLRKQRTFDNGS*IPHQIHLQEMNAILRRQGEYYPFLKDNKEKIEKILTFRIPYYVGPLARGNRDFAWLTRNSDE 471
S4 166 --EVRGSINRFKTSD---------YVKEAKQLLKVQKAYHQLDQSFIDTYIDLLETRRTYYEGP--GEGSPFGW------K 227
S1 472 TITPWNFEE*VVDKGASAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVTEGMRKPAFLSGE*QKKAIVDL 551
S2 475 KITPWNFDK*VIDKEKSAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSHVYETYAVYNELTKIKYVNEQGKE-SFFDSN*MKQEIFDH 553
S3 472 AIRPWNFEE*IVDKASSAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIAEGLRDYQFLDSG*QKKQIVNQ 551
S4 228 DIKEW----------YEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNNLVITRDENEK---LEYY*EKFQIIEN 289
S1 552 LFKTNRKVTVKQLKEDYFKKIECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDKDFLDNEENEDILEDIVLTLTLFED 628
S2 554 VFKENRKVTKEKLLNYLNKEFPEYRIKDLIGLDKENKSFNASLGTYHDLKKIL-DKAFLDDKVNEEVIEDIIKTLTLFED 632
S3 552 LFKENRKVTEKDIIHYLHN-VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDKEFMDDAKNEAILENIVHTLTIFED 627
S4 290 VFKQKKKPTLKQIAKEILVNEEDIKGYRVTSTGKPEF---TNLKVYHDIKDITARKEII---ENAELLDQIAKILTIYQS 363
S1 629 REMIEERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWG*RLSRKLINGIRDKQSGKTILDFLKSDGFANRNFM*QLIHDDSLTFKED 707
S2 633 KDMIHERLQKYSDIFTANQLKKLER-RHYTGWG*RLSYKLINGIRNKENNKTILDYLIDDGSANRNFM*QLINDDTLPFKQI 711
S3 628 REMIKQRLAQYDSLFDEKVIKALTR-RHYTGWG*KLSAKLINGICDKQTGNTILDYLIDDGKINRNFM*QLINDDGLSFKEI 706
S4 364 SEDIQEELTNLNSELTQEEIEQISNLKGYTGTH*NLSLKAINLILDE------LWHTNDNQIAIFNRL*KLVP--------- 428
S1 708 IQKAQVSGQGDSLHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGRHKPENIVIEMARENQTT------QKGQKNSRERM 781
S2 712 IQKSQVVGDVDDIEAVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-GNPDNIVIEMARENQTT------NRGRSQSQQRL 784
S3 707 IQKAQVIGKTDDVKQVVQELSGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-HAPESIVIEMARENQTT------ARGKKNSQQRY 779
S4 429 -KKVDLSQQKEIPTTLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYG--LPNDIIIELAREKNSKDAQKMINEMQKRNRQTN 505
S1 782 KRIEEGIKELGSQIL-------KEHPVENTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQELDINRLSD----YDVDH*IVPQSFLKDD 850
S2 785 KKLQNSLKELGSNILNEEKPSYIEDKVENSHLQNDQLFLYYIQNGKDMYTGDELDIDHLSD----YDIDH*IIPQAFIKDD 860
S3 780 KRIEDSLKILASGL---DSNILKENPTDNNQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGEALDINQLSS----YDIDH*IIPQAFIKDD 852
S4 506 ERIEEIIRTTGK----------ENAKYLIEKIKLHDMQEGKCLYSLEAIPLEDLLNNPFNYEVDH*IIPRSVSFDN 570
S1 851 SIDNKVLTRSDKNRGKSDNVPSEEVVKKMKNYWRQLLNAKLITQRKFDN-LTKAERGGL-SELD------KAGFIKRQLV 922
S2 861 SIDNRVLTSSAKNRGKSDDVPSLDIVRARKAEWVRLYKSGLISKRKFDN-LTKAERGGL-TEAD------KAGFIKRQLV 932
S3 853 SLDNRVLTSSKDNRGKSDNVPSIEVVQKRKAFWQQLLDSKLISERKFNN-LTKAERGGL-DERD------KVGFIKRQLV 924
S4 571 SFNNKVLVKQEEASKKGNRTPFQYLSSSDSKISYETFKKHILNLAKGKGRISKTKKEYLLEERDINRFSVQKDFINRNLV 650
S1 923 ETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIREVKVITLKSKLVSDFRKDFQFYKVREINNYHHAHDAYLNAVVGTALIKKYP 1002
S2 933 ETRQITKHVAQILDARFNTEHDENDKVIRDVKVITLKSNLVSQFRKDFEFYKVREINDYHHAHDAYLNAVVGTALLKKYP 1012
S3 925 ETRQITKHVAQILDARYNTEVNEKDKKNRTVKIITLKSNLVSNFRKEFRLYKVREINDYHHAHDAYLNAVVAKAILKKYP 1004
S4 651 DTRYATRGLMNLLRSYFRVN-------NLDVKVKSINGGFTSFLRRKWKFKKERNKGYKHHAEDALIIA---------- 712
S1 1003 KLESEFVYGDYKVYDVRKMIAKSEQ--EIGKATAKYFFYSNIMNFFKTEITLANGEIRKRPLIETNGETGEIVWDKG--- 1077
S2 1013 KLASEFVYGEYKKYDIRKFITNSSD-----KATAKYFFYSNLMNFFKTKVKYADGTVFERPIIETNAD-GEIAWNKQ--- 1083
S3 1005 KLEPEFVYGEYQKYDLKRYISRSKDPKEVEKATEKYFFYSNLLNFFKEEVHYADGTIVKRENIEYSKDTGEIAWNKE--- 1081
S4 713 --NADFIFKEWKKLDKAKKVMENQM----------FEEKQAESMPEIETEQEYKEIFITPHQIK 764
S1 1078 -----RDFATVRKVLSMPQVNIVKKTEVQTGGFSKESILPKRNSDKLIARKKD---WDPKKYGGFDSPTVAYSVLVVAKV 1149

【数４１】

```
S2 1084 -----IDFEKVRKVLSYPQVNIVKKVETQTGGFSKESILPKGDSDKLIPRKTKKVYWDTKKYGGFDSPTVAYSVFVVADV 1158
S3 1082 -----KDFAIIKKVLSLPQVNIVKKREVQTGGFSKESILPKGNSDKLIPRKTKDILLDTTKYGGFDSPVIAYSILLIADI 1156
S4 765  HIKDFKDYKYSHRVDKKPNRELINDTLYSTRKDDKGNTLIVNNLNGLYDKDNDKL----KKLIN-KSP----EKLLMYHH  835

S1 1150 EKGKSKKLKSVKELLGITIMERSSFEKNPI-DFLEAKG-----YKEVKKDLIIKLPKYSLFELENGRKRMLASAGE*LQKG 1223
S2 1159 EKGKAKKLKTVKELVGISIMERSFFEENPV-EFLENKG-----YHNIREDKLIKLPKYSLFEFEGGRRRLLASASE*LQKG 1232
S3 1157 EKGKAKKLKTVKTLVGITIMEKAAFEENPI-TFLENKG-----YHNVRKENILCLPKYSLFELENGRRRLLASAKE*LQKG 1230
S4 836  DPQTYQKLK--------LIMEQYGDEKNPLYKYYEETGNYLTKYSKKDNGPVIKKIKYYGNKLNAHLDITDDYPNS*RNKV  907

S1 1224 NELALPSKYVNFLYLASHYEKLKGSPEDNEQKQLFVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILADANLDKVLSAYNKH------ 1297
S2 1233 NEMVLPGYLVELLYHAHRADNF-----NSTEYLNYVSEHKKEFEKVLSCVEDFANLYVDVEKNLSKIRAVADSM------ 1301
S3 1231 NEIVLPVYLTTLLYHSKNVHKL-----DEPGHLEYIQKHRNEFKDLLNLVSEFSQKYVLADANLEKIKSLYADN------ 1299
S4 908  VKLSLKPYRFD-VYLDNGVYKFV-----TVKNLDVIK--KENYYEVNSKAYEEAKKLKKISNQAEFIASFYNNDLIKING  979

S1 1298 RDKPIREQAENIIHLFTLTNLGAPAAFKYFDT*TIDRKRYTSTKEVLDATLIHQSIT--------GLYETRI----DLSQL 1365
S2 1302 DNFSIEEISNSFINLLTLTALGAPADFNFLGE*KIPRKRYTSTKECLNATLIHQSIT--------GLYETRI----DLSKL 1369
S3 1300 EQADIEILANSFINLLTFTALGAPAAFKFFGK*DIDRKRYTTVSEILNATLIHQSIT--------GLYETWI----DLSKL 1367
S4 980  ELYRVIGVNNDLLNRIEVNMIDITYR-EYLEN*MNDKRPPRIIKTIASKT---QSIKKYSTDILGNLYEVKSKKHPQIIKK 1055

S1 1366 GGD  1368
S2 1370 GEE  1372
S3 1368 GED  1370
S4 1056 G--  1056
```

【０２４９】

アラインメントは、当分野において公知のアラインメントプログラムおよびアルゴリズムを用いて、参照配列または参照残基とアラインメントするアミノ酸配列または残基を同定することによって、参照Ｃａｓ９アミノ酸配列またはアミノ酸残基に対して相同であるアミノ酸配列およびアミノ酸残基が、異なる種からのＣａｓ９配列を包含するがこれに限定されないＣａｓ９配列バリアントから同定され得るということを実証している。本開示は、配列番号９中のアスタリスクによって同定されているアミノ酸残基の１以上（例えば、それぞれＳ１、Ｓ２、Ｓ３、およびＳ４）が本明細書に記載されるように変異した、Ｃａｓ９バリアントを提供する。配列番号９においてアスタリスクによって同定されている残基に対応する配列番号９以外のＣａｓ９配列の残基は、本明細書において「相同な」または「対応する」残基と言われる。かかる相同な残基は、例えば上に記載されているように配列アラインメントによって、参照配列または残基とアラインメントする配列または残基を同定することによって同定され得る。類似して、本明細書における配列番号９中の同定された変異、例えば配列番号９中の残基１０、１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、８４０、１２１９、および１３２９の変異に対応する配列番号９以外のＣａｓ９配列の変異は、本明細書において「相同な」または「対応する」変異と言われる。例えば、上の４つのアラインメントされた配列について、Ｓ１に対応する変異は、Ｓ２ではＤ１０Ａ、Ｓ３ではＤ９Ａ、Ｓ４ではＤ１３Ａであり；Ｓ１のＨ８４０Ａに対応する変異は、Ｓ２ではＨ８５０Ａ、Ｓ３ではＨ８４２Ａ、Ｓ４ではＨ５６０であり；Ｓ１のＸ１２１９に対応する変異は、Ｓ２ではＸ１２２８Ｖ、Ｓ３ではＸ１２２６、Ｓ４ではＸ９０３Ｖ等である。

【０２５０】

異なる種からの合計で２５０個のＣａｓ９配列（配列番号１０～２６２）を、上で概述されている同じアルゴリズムおよびアラインメントパラメータを用いてアラインメントした。残基１０、１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、８４０、１２１９、および１３２９に対して相同なアミノ酸残基を、上で

概述されている同じ様式で同定した。アラインメントは下に提供されている。ＨＮＨドメイン（太字かつ下線）およびＲｕｖＣドメイン（枠囲み）が４つの配列のそれぞれについて同定されている。配列番号９のアミノ酸残基１０、１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、８４０、１２１９、および１３２９に対応する残基はアラインメント中の配列番号１０において枠囲みされており、アラインメントされた配列中の対応するアミノ酸残基の同定を許す。

【０２５１】

本発明においては、配列番号９のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１，２１９および１，３２９と相同なアミノ酸残基の１以上の変異を有するＣａｓ９変異体が提供される。いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９変異体は、ヌクレアーゼ不活性なｄＣａｓ９となる配列番号９のＤ１０ＡおよびＨ８４０Ａ変異に対応する変異と、配列番号９のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９と相同なアミノ酸残基の少なくとも１つ、少なくとも２つ、少なくとも３つ、少なくとも４つ、少なくとも５つ、少なくとも６つまたは、少なくとも７つの変異と、を含む。

【０２５２】

本発明においては、配列番号９のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９と相同なアミノ酸残基の１以上の変異を有するＣａｓ９変異体が提供される。いくつかの態様において、本発明で提供されるＣａｓ９変異体は、非標的鎖にはニック入れをするが標的鎖にはニック入れをしない、部分的にヌクレアーゼ不活性なｄＣａｓ９となる配列番号９のＤ１０Ａ変異に対応する変異と、配列番号９のアミノ酸残基１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、１２１９および１３２９と相同なアミノ酸残基の少なくとも１つか、少なくとも２つか、少なくとも３つか、少なくとも４つか、少なくとも５つか、少なくとも６つか、少なくとも７つの変異を含む。

【数４２】

WP_010922251.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 10
WP_039695303.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus gallolyticus] SEQ ID NO: 11
WP_045635197.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mitis] SEQ ID NO: 12
5AXW_A Cas9, Chain A, Crystal Structure [Staphylococcus Aureus] SEQ ID NO: 13
WP_009880683.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 14
WP_010922251.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 15
WP_011054416.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 16
WP_011284745.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 17
WP_011285506.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 18
WP_011527619.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 19
WP_012560673.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 20
WP_014407541.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 21
WP_020905136.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 22
WP_023080005.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 23
WP_023610282.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 24
WP_030125963.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 25
WP_030126706.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 26
WP_031488318.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 27
WP_032460140.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 28
WP_032461047.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 29
WP_032462016.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 30
WP_032462936.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 31
WP_032464890.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 32
WP_033888930.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 33
WP_038431314.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 34
WP_038432938.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 35
WP_038434062.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 36
BAQ51233.1 CRISPR-associated protein, Csn1 family [Streptococcus pyogenes] SEQ ID NO: 37
KGE60162.1 hypothetical protein MGAS2111_0903 [Streptococcus pyogenes MGAS2111] SEQ ID NO: 38
KGE60856.1 CRISPR-associated endonuclease protein [Streptococcus pyogenes SS1447] SEQ ID NO: 39
WP_002989955.1 MULTISPECIES: type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus] SEQ ID NO: 40
WP_003030002.1 MULTISPECIES: type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus] SEQ ID NO: 41
WP_003065552.1 MULTISPECIES: type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus] SEQ ID NO: 42
WP_001040076.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 43
WP_001040078.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 44
WP_001040080.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 45
WP_001040081.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 46
WP_001040083.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 47
WP_001040085.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 48

【数４３】

WP_001040087.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 49
WP_001040088.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 50
WP_001040089.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 51
WP_001040090.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 52
WP_001040091.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 53
WP_001040092.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 54
WP_001040094.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 55
WP_001040095.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 56
WP_001040096.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 57
WP_001040097.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 58
WP_001040098.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 59
WP_001040099.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 60
WP_001040100.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 61
WP_001040104.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 62
WP_001040105.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 63
WP_001040106.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 64
WP_001040107.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 65
WP_001040108.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 66
WP_001040109.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 67
WP_001040110.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 68
WP_015058523.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 69
WP_017643650.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 70
WP_017647151.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 71
WP_017648376.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 72
WP_017649527.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 73
WP_017771611.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 74
WP_017771984.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 75
CFQ25032.1 CRISPR-associated protein [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 76
CFV16040.1 CRISPR-associated protein [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 77
KLJ37842.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 78
KLJ72361.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 79
KLL20707.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 80
KLL42645.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 81
WP_047207273.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 82
WP_047209694.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 83
WP_050198062.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 84
WP_050201642.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 85
WP_050204027.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 86
WP_050881965.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae] SEQ ID NO: 87

【数４４】

```
WP_050886065.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus agalactiae]  SEQ ID NO: 88
AHN30376.1       CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus agalactiae 138P]  SEQ ID NO: 89
EAO78426.1       reticulocyte binding protein [Streptococcus agalactiae H36B]  SEQ ID NO: 90
CCW42055.1       CRISPR-associated protein, SAG0894 family [Streptococcus agalactiae ILRI112] SEQ ID NO:91
WP_003041502.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus anginosus]  SEQ ID NO: 92
WP_037593752.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus anginosus]  SEQ ID NO: 93
WP_049516684.1   CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus anginosus]  SEQ ID NO: 94
GAD46167.1       hypothetical protein ANG6_0662 [Streptococcus anginosus T5]  SEQ ID NO: 95
WP_018363470.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus caballi]  SEQ ID NO: 96
WP_003043819.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus canis]  SEQ ID NO: 97
WP_006269658.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus constellatus]  SEQ ID NO: 98
WP_048800889.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus constellatus]  SEQ ID NO: 99
WP_012767106.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus dysgalactiae]  SEQ ID NO: 100
WP_014612333.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus dysgalactiae]  SEQ ID NO: 101
WP_015017095.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus dysgalactiae]  SEQ ID NO: 102
WP_015057649.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus dysgalactiae]  SEQ ID NO: 103
WP_048327215.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus dysgalactiae]  SEQ ID NO: 104
WP_049519324.1   CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus dysgalactiae]  SEQ ID NO: 105
WP_012515931.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus equi]  SEQ ID NO: 106
WP_021320964.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus equi]  SEQ ID NO: 107
WP_037581760.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus equi]  SEQ ID NO: 108
WP_004232481.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus equinus]  SEQ ID NO: 109
WP_009854540.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus gallolyticus]  SEQ ID NO: 110
WP_012962174.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus gallolyticus]  SEQ ID NO: 111
WP_039695303.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus gallolyticus]  SEQ ID NO: 112
WP_014334983.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus infantarius]  SEQ ID NO: 113
WP_003099269.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus iniae]  SEQ ID NO: 114
AHY15608.1       CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus iniae]  SEQ ID NO: 115
AHY17476.1       CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus iniae]  SEQ ID NO: 116
ESR09100.1       hypothetical protein IUSA1_08595 [Streptococcus iniae IUSA1]  SEQ ID NO: 117
AGM98575.1   CRISPR-associated protein Cas9/Csn1, subtype II/NMEMI [Streptococcus iniae SF1] SEQ ID NO: 118
ALF27331.1       CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus intermedius]  SEQ ID NO: 119
WP_018372492.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus massiliensis]  SEQ ID NO: 120
WP_045618028.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mitis]  SEQ ID NO: 121
WP_045635197.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mitis]  SEQ ID NO: 122
WP_002263549.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans]  SEQ ID NO: 123
WP_002263887.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans]  SEQ ID NO: 124
WP_002264920.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans]  SEQ ID NO: 125
WP_002269043.1   type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans]  SEQ ID NO: 126
```

【数４５】

WP_002269448.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 127
WP_002271977.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 128
WP_002272766.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 129
WP_002273241.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 130
WP_002275430.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 131
WP_002276448.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 132
WP_002277050.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 133
WP_002277364.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 134
WP_002279025.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 135
WP_002279859.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 136
WP_002280230.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 137
WP_002281696.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 138
WP_002282247.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 139
WP_002282906.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 140
WP_002283846.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 141
WP_002287255.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 142
WP_002288990.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 143
WP_002289641.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 144
WP_002290427.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 145
WP_002295753.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 146
WP_002296423.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 147
WP_002304487.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 148
WP_002305844.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 149
WP_002307203.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 150
WP_002310390.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 151
WP_002352408.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 152
WP_012997688.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 153
WP_014677909.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 154
WP_019312892.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 155
WP_019313659.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 156
WP_019314093.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 157
WP_019315370.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 158
WP_019803776.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 159
WP_019805234.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 160
WP_024783594.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 161
WP_024784288.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 162
WP_024784666.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 163
WP_024784894.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 164
WP_024786433.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 165

【数４６】

WP_049473442.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 166
WP_049474547.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus mutans] SEQ ID NO: 167
EMC03581.1 hypothetical protein SMU69_09359 [Streptococcus mutans NLML4] SEQ ID NO: 168
WP_000428612.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus oralis] SEQ ID NO: 169
WP_000428613.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus oralis] SEQ ID NO: 170
WP_049523028.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus parasanguinis] SEQ ID NO: 171
WP_003107102.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus parauberis] SEQ ID NO: 172
WP_054279288.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus phocae] SEQ ID NO: 173
WP_049531101.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus pseudopneumoniae] SEQ ID NO: 174
WP_049538452.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus pseudopneumoniae] SEQ ID NO: 175
WP_049549711.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus pseudopneumoniae] SEQ ID NO: 176
WP_007896501.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus pseudoporcinus] SEQ ID NO: 177
EFR44625.1 CRISPR-associated protein, Csn1 family [Streptococcus pseudoporcinus SPIN 20026] SEQ ID NO: 178
WP_002897477.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus sanguinis] SEQ ID NO: 179
WP_002906454.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus sanguinis] SEQ ID NO: 180
WP_009729476.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus sp. F0441] SEQ ID NO: 181
CQR24647.1 CRISPR-associated protein [Streptococcus sp. FF10] SEQ ID NO: 182
WP_000066813.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus sp. M334] SEQ ID NO: 183
WP_009754323.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus sp. taxon 056] SEQ ID NO: 184
WP_044674937.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus suis] SEQ ID NO: 185
WP_044676715.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus suis] SEQ ID NO: 186
WP_044680361.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus suis] SEQ ID NO: 187
WP_044681799.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Streptococcus suis] SEQ ID NO: 188
WP_049533112.1 CRISPR-associated protein Csn1 [Streptococcus suis] SEQ ID NO: 189
WP_029090905.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Brochothrix thermosphacta] SEQ ID NO: 190
WP_006506696.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Catenibacterium mitsuokai] SEQ ID NO: 191
AIT42264.1 Cas9hc:NLS:HA [Cloning vector pYB196] SEQ ID NO: 192
WP_034440723.1 type II CRISPR endonuclease Cas9 [Clostridiales bacterium S5-A11] SEQ ID NO: 193
AKQ21048.1 Cas9 [CRISPR-mediated gene targeting vector p(bhsp68-Cas9)] SEQ ID NO: 194
WP_004636532.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Dolosigranulum pigrum] SEQ ID NO: 195
WP_002364836.1 MULTISPECIES: type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus] SEQ ID NO: 196
WP_016631044.1 MULTISPECIES: type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus] SEQ ID NO: 197
EMS75795.1 hypothetical protein H318_06676 [Enterococcus durans IPLA 655] SEQ ID NO: 198
WP_002373311.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 199
WP_002378009.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 200
WP_002407324.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 201
WP_002413717.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 202
WP_010775580.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 203
WP_010818269.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 204

【数４７】

WP_010824395.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 205
WP_016622645.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 206
WP_033624816.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 207
WP_033625576.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 208
WP_033789179.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecalis] SEQ ID NO: 209
WP_002310644.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecium] SEQ ID NO: 210
WP_002312694.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecium] SEQ ID NO: 211
WP_002314015.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecium] SEQ ID NO: 212
WP_002320716.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecium] SEQ ID NO: 213
WP_002330729.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecium] SEQ ID NO: 214
WP_002335161.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecium] SEQ ID NO: 215
WP_002345439.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecium] SEQ ID NO: 216
WP_034867970.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecium] SEQ ID NO: 217
WP_047937432.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus faecium] SEQ ID NO: 218
WP_010720994.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus hirae] SEQ ID NO: 219
WP_010737004.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus hirae] SEQ ID NO: 220
WP_034700478.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus hirae] SEQ ID NO: 221
WP_007209003.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus italicus] SEQ ID NO: 222
WP_023519017.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus mundtii] SEQ ID NO: 223
WP_010770040.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus phoeniculicola] SEQ ID NO: 224
WP_048604708.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus sp. AM1] SEQ ID NO: 225
WP_010750235.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Enterococcus villorum] SEQ ID NO: 226
AII16583.1 Cas9 endonuclease [Expression vector pCas9] SEQ ID NO: 227
WP_029073316.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Kandleria vitulina] SEQ ID NO: 228
WP_031589969.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Kandleria vitulina] SEQ ID NO: 229
KDA45870.1 CRISPR-associated protein Cas9/Csn1, subtype II/NMEMI [Lactobacillus animalis] SEQ ID NO: 230
WP_039099354.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Lactobacillus curvatus] SEQ ID NO: 231
AKP02966.1 hypothetical protein ABB45_04605 [Lactobacillus farciminis] SEQ ID NO: 232
WP_010991369.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria innocua] SEQ ID NO: 233
WP_033838504.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria innocua] SEQ ID NO: 234
EHN60060.1 CRISPR-associated protein, Csn1 family [Listeria innocua ATCC 33091] SEQ ID NO: 235
EFR89594.1 crispr-associated protein, Csn1 family [Listeria innocua FSL S4-378] SEQ ID NO: 236
WP_038409211.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria ivanovii] SEQ ID NO: 237
EFR95520.1 crispr-associated protein Csn1 [Listeria ivanovii FSL F6-596] SEQ ID NO: 238
WP_003723650.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes] SEQ ID NO: 239
WP_003727705.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes] SEQ ID NO: 240
WP_003730785.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes] SEQ ID NO: 241
WP_003733029.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes] SEQ ID NO: 242
WP_003739838.1 type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes] SEQ ID NO: 243

【数４８】

```
WP_014601172.1    type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes]  SEQ ID NO: 244
WP_023548323.1    type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes]  SEQ ID NO: 245
WP_031665337.1    type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes]  SEQ ID NO: 246
WP_031669209.1    type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes]  SEQ ID NO: 247
WP_033920898.1    type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria monocytogenes]  SEQ ID NO: 248
AKI42028.1        CRISPR-associated protein [Listeria monocytogenes]  SEQ ID NO: 249
AKI50529.1        CRISPR-associated protein [Listeria monocytogenes]  SEQ ID NO: 250
EFR83390.1        crispr-associated protein Csn1 [Listeria monocytogenes FSL F2-208]  SEQ ID NO: 251
WP_046323366.1    type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Listeria seeligeri]  SEQ ID NO: 252
AKE81011.1        Cas9 [Plant multiplex genome editing vector pYLCRISPR/Cas9Pubi-H]  SEQ ID NO: 253
CUO82355.1        Uncharacterized protein conserved in bacteria [Roseburia hominis]  SEQ ID NO: 254
WP_033162887.1    type II CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9 [Sharpea azabuensis]  SEQ ID NO: 255
AGZ01981.1        Cas9 endonuclease [synthetic construct]  SEQ ID NO: 256
AKA60242.1        nuclease deficient Cas9 [synthetic construct]  SEQ ID NO: 257
AKS40380.1        Cas9 [Synthetic plasmid pFC330]  SEQ ID NO: 258
4UN5_B  Cas9, Chain B, Crystal Structure  SEQ ID NO: 259

WP_010922251  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_039695303  1      MTKKnYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKKYIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  74
WP_045635197  1      K-KG-YSIGLDIGTNSVGFAVITDDYKVPSKKMKVLGNTDKRFIKKNLIGALLFDEGTTA--EARRLKRTARRRYT  73
5AXW_A        1      MKRN-YILGLDIGITSVGYGII--DYET----------RDVIDA---GVRLFKEANVEnnEGRRSKRGARRLKR  61
WP_009880683         ------------------------------------------------------------
WP_010922251  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_011054416  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKLKGLGNTDRHGIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_011284745  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_011285506  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_011527619  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGEIA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_012560673  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_014407541  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFGSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_020905136  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_023080005  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKLKVLGNTDRHGIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_023610282  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKLKVLGNTDRHGIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_030125963  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_030126706  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHGIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_031488318  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_032460140  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_032461047  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_032462016  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_032462936  1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
```

【数４９】

```
WP_032464890.1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGEIA--EATRLKRTARRRYT 73
WP_033888930.1      ---------------------------------------------------------------------------
WP_038431314.1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 73
WP_038432938.1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 73
WP_038434062.1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 73
BAQ51233            ---------------------------------------------------------------------------
KGE60162            ---------------------------------------------------------------------------
KGE60856            ---------------------------------------------------------------------------
WP_002989955.1      MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGEIA--EATRLKRTARRRYT 73
WP_003030002.1      MDQK-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKQSIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 73
WP_003065552.1      MTKKnYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKKYIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 74
WP_001040076.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKIRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040078.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040080.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040081.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040083.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040085.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040087.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040088.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040089.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040090.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040091.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040092.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040094.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040095.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040096.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040097.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040098.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040099.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040100.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040104.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_001040105.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTSRRRYT 73
WP_001040106.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGYSVVTDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT 73
WP_001040107.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGYSVVTDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT 73
WP_001040108.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGYSVVTDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT 73
WP_001040109.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGYSVVTDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT 73
WP_001040110.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGYSVVTDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT 73
WP_015058523.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
WP_017643650.1      MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT 73
```

【数５０】

```
WP_017647151  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT  73
WP_017648376  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT  73
WP_017649527  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_017771611  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGYSVVTDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT  73
WP_017771984  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
CFQ25032      1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
CFV16040      1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
KLJ37842      1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
KLJ72361      1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
KLL20707      1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT  73
KLL42645      1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGYSVVTDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGRNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_047207273  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_047209694  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_050198062  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_050201642  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_050204027  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGYSVVTDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--SDRRLKRTARRRYT  73
WP_050881965  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_050886065  1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
AHN30376      1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
EAO78426      1  MNKP-YSIGXDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
CCW42055      1  MNKP-YSIGLDIGTNSVGWSIITDDYKVPAKKMRVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDGGNTA--ADRRLKRIARRRYT  73
WP_003041502  1  MNQK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKQSIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_037593752  1  MKKE-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKQSIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  74
WP_049516684  1  MKKE-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKQSIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  74
GAD46167      1  MKKE-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKQSIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_018363470  1  MTKKnYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKKYIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  74
WP_003043819  1  MEKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTNRKSIKKNLMGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_006269658  1  MGKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKQSIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_048800889  1  MTQK-YSIGLDIGTNSVGWAIVTDDYKVPAKKMKILGNTNKQYIKKNLLGALLFDSGETA--KATRLKRTARRRYT  73
WP_012767106  1  MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_014612333  1  MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_015017095  1  MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_015057649  1  MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_048327215  1  MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_049519324  1  MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  73
WP_012515931  1  MKKP-YTIALDIGTNSVGWVVVTDDYRVPTKKMKVLGNTERKTIKKNLIGALLFDSGDTA--EGTRLKRTARRRYT  73
WP_021320964  1  MKKP-YTIALDIGTNSVGWVVVTDDYRVPTKKMKVLGNTERKTIKKNLIGALLFDSGDTA--EGTRLKRTARRRYT  73
WP_037581760  1  MKKP-YTIALDIGTNSVGWVVVTDDYRVPTKKMKVLGNTERKTIKKNLIGALLFDSGDTA--EGTRLKRTARPRYT  73
WP_004232481  1  M-EKtYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKKYIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRAARRRYT  73
```

【数５１】

```
WP_009854540  1   MTKKnYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKKYIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  74
WP_012962174  1   MTEKnYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKKYIKKNLLGALLFDNGETA--EATRLKRTARRRYT  74
WP_039695303  1   MTKKnYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKKYIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT  74
WP_014334983  1   M-EKsYSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKKMKVLGNTDKKYIKKNLLGALLFDSGETA--EVTRLKRTARRRYT  73
WP_003099269  1   MRKP-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKMRIQGTTDRTSIKKNLIGALLFDNGETA--EATRLKRTTRRRYT  73
AHY15608      1   MRKP-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKMRIQGTTDRTSIKKNLIGALLFDNGETA--EATRLKRTTRRRYT  73
AHY17476      1   MRKP-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKMRIQGTTDRTSIKKNLIGALLFDNGETA--EATRLKRTTRRRYT  73
ESR09100          ----------------------------------------------------------------------------
AGM98575      1   MRKP-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKMRIQGTTDRTSIKKNLIGALLFDNGETA--EATRLKRTTRRRYT  73
ALF27331      1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_018372492  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVMEDYKVPSKKMKVLGNTDKQSIKKNLIGALLFDSGETAv--ERRLNRTTSRRYD  73
WP_045618028  1   NNKP-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKMKVLGNTDKHFIKKNLLGALLFDEGTTA--EDRRLKRTARRRYT  74
WP_045635197  1   K-KG-YSIGLDIGTNSVGFAVITDDYKVPSKKMKVLGNTDKRFIKKNLIGALLFDEGTTA--EARRLKRTARRRYT  73
WP_002263549  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIEKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002263887  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIEKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002264920  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002269043  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002269448  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002271977  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002272766  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002273241  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002275430  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_002276448  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002277050  1   MKKS-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002277364  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_002279025  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIEKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002279859  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002280230  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_002281696  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_002282247  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002282906  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWSVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIEKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002283846  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002287255  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVSAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002288990  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002289641  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTTRRRYT  73
WP_002290427  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002295753  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002296423  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002304487  1   MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
```

【数５２】

```
WP_002305844  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002307203  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002310390  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_002352408  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_012997688  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_014677909  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPDKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_019312892  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_019313659  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIEKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_019314093  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_019315370  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_019803776  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIEKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_019805234  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_024783594  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIEKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_024784288  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTARRRYT  73
WP_024784666  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_024784894  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTTRRRYT  73
WP_024786433  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_049473442  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_049474547  1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--EDRRLKRTTRRRYT  73
EMC03581      1 MDL-------IGTNSVGWAVVTDDYKVPAKMKVLGNTDKSHIKKNLLGALLFDSGNTA--ADRRLKRTARRRYT  66
WP_000428612  1 ENKN-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKMKVLGNTDKRFIKKNLIGALLFDEGTTA--EARRLKRTARRRYT  74
WP_000428613  1 ENKN-YSIGLDIGTNSVGWSVITDDYKVPSKMKVLGNTDKRFIKKNLIGALLFDEGTTA--EARRLKRTARRRYT  74
WP_049523028  1 K-KP-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKMKVLGNTNKESIKKNLIGALLFDAGNTA--ADRRLKRTARRRYT  73
WP_003107102  1 ----------------------------MKVLGNTDRQTVKKNMIGTLLFDSGETA--EARRLKRTARRRYT  42
WP_054279288  1 -KKS-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPAKMKVLGNTSRQSIKKNMIGALLFDEGGPA--ASTRVKRTTRRRYT  75
WP_049531101  1 SNKP-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKMKVLGNTDKHFIKKNLIGALLFDEGTTA--EDRRLKRTARRRYT  74
WP_049538452  1 SNKP-YSIGLDIGTNSVGWVIITDDYKVPSKMKVLGNTDKHFIKKNLIGALLFDEGTTA--EDRRLKRTARRRYT  74
WP_049549711  1 SNKP-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKMTVLGNTDKHFIKKNLIGALLFDEGTTA--EDRRLKRTARRRYT  74
WP_007896501  1 --YS-YSIGLDIGTNSVGWAVINEDYKVPAKKMTVFGNTDRKTIKKNLLGTVLFDSGETA--QARRLKRTNRRRYT  75
EFR44625      1 ----------------------------------------MLGTVLFDSGETA--QARRLKRTNRRRYT  27
WP_002897477  1 K-KP-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMRVFGDTDRSHIKKNLLGTLLFDDGNTA--ESRRLKRTARRRYT  73
WP_002906454  1 K-KP-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKMKVLGNTDKHFIKKNLIGALLFDEGTTA--EDRRLKRTSRRRYT  73
WP_009729476  1 ENKN-YSIGLDIGTNSVGWSVITDDYKVPSKKMKVLGNTDKHFIKKNLIGALLFDEGTTA--EARRLKRTARRRYT  74
CQR24647      1 MKKP-YSIGLDIGTNSVGWSVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKEYIKKNLIGALLFDSGETA--EATRMKRTARRRYT  73
WP_000066813  1 SNKS-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKMKVLGNTDKHFIKKNLIGALLFDEGTTA--EDRRLKRTARRRYT  74
WP_009754323  1 NNNN-YSIGLDIGTNSVGWAVITDDYKVPSKKMRVLGNTDKRFIKKNLIGALLFDEGTTA--EDRRLKRTARRRYT  74
WP_044674937  1 MKKK-YAIGIDIGTNSVGWSVVTDDYKVPSKKMKVFGNTEKRYIKKNLLGTLLFDEGNTA--ENRRLKRTARRRYT  73
WP_044676715  1 MKKK-YAIGIDIGTNSVGWSVVTDDYKVPSKKMKVFGNTEKRYIKKNLLGTLLFDEGNTA--ENRRLKRTARRRYT  73
WP_044680361  1 MKKK-YAIGIDIGTNSVGWSVVTDDYKVPSKKMKVFGNTEKRYIKKNLLGTLLFDEGNTA--ENRRLKRTARRRYT  73
```

【数５３】

```
WP_044681799.1    1 MKKK-YAIGIDIGTNSVGWSVVTDDYKVPSKKMKVFGNTEKRYIKKNLLGTLLFDEGNTA--ENRRLKRTARRRYT 73
WP_049533112.1    1 MDQK-YSIGLDIGTNSVGWAVVTDDYKVPAKKMKVLGNTDKQSIKKNLLGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 73
WP_029090905.1    1 ----------------------------------------MWGVSLFEAGKTA--AERRGYRSTRRRLN 27
WP_006506696.1    1 I-VD-YCIGLDLGTGSVGWAVVDMNHRLMKRN----------GKHLWGSRLFSNAETA--ANRRASRSIRRRYN 60
AIT42264.1        1 MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 73
WP_034440723.1    1 -MKN-YTIGLDIGTNSVGWAVIKDDLTLVRKKIKISGNTDKKEVKKNLWGSFLFEQGDTA--QDTRVKRIARRRYE 72
AKQ21048.1        1 MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 73
WP_004636532.1    1 MQKN-YTIGLDIGTNSVGWAVMKDDYTLIRKRMKVLGNTDIKKIKKNFWGVRLFDEGETA--KETRLKRGTRRRYQ 73
WP_002364836.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_016631044.1    1 ----------------------------------------MRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 24
EMS75795.1        1 ----------------------------------------------------------------
WP_002373311.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_002378009.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_002407324.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_002413717.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_010775580.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_010818269.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_010824395.1    1 MKKD-YVIGLDIGSNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_016622645.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_033624816.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_033625576.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_033789179.1    1 MKKD-YVIGLDIGTNSVGWAVMTEDYQLVKKKMPIYGNTEKKKIKKNFWGVRLFEEGHTA--EDRRLKRTARRRIS 73
WP_002310644.1    1 MKKE-YTIGLDIGTNSVGWSVLTDDYRLVSKKMKVAGNTEKSSTKKNFWGVRLFDEGQTA--EARRSKRTARRRLA 73
WP_002312694.1    1 MKKE-YTIGLDIGTNSVGWSVLTDDYRLVSKKMKVAGNTEKSSTKKNFWGVRLFDEGQTA--EARRSKRTARRRLA 73
WP_002314015.1    1 MKKE-YTIGLDIGTNSVGWSVLTDDYRLVSKKMKVAGNTEKSSTKKNFWGVRLFDEGQTA--EARRSKRTARRRLA 73
WP_002320716.1    1 MKKE-YTIGLDIGTNSVGWSVLTDDYRLVSKKMKVAGNTEKSSTKKNFWGVRLFDEGQTA--EARRSKRTARRRLA 73
WP_002330729.1    1 MKKE-YTIGLDIGTNSVGWSVLTDDYRLVSKKMKVAGNTEKSSTKKNFWGVRLFDEGQTA--EARRSKRTARRRLA 73
WP_002335161.1    1 MKKE-YTIGLDIGTNSVGWSVLTDDYRLVSKKMKVAGNTEKSSTKKNFWGVRLFDEGQTA--EARRSKRTARRRLA 73
WP_002345439.1    1 MKKE-YTIGLDIGTNSVGWSVLTDDYRLVSKKMKVAGNTEKSSTKKNFWGVRLFDEGQTA--EARRSKRTARRRLA 73
WP_034867970.1    1 MTKD-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDDYQLMKRKMSVHGNTEKKKIKKNFWGARLFDEGQTA--EFRRTKRTNRRRLA 73
WP_047937432.1    1 MKKE-YTIGLDIGTNSVGWSVLTDDYRLVSKKMKVAGNTEKSSTKKNFWGVRLFDEGQTA--EARRSKRTARRRLA 73
WP_010720994.1    1 MTKD-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDDYQLMKRKMSVHGNTEKKKIKKNFWGARLFDEGQTA--EFRRTKRTNRRRLA 73
WP_010737004.1    1 MTKD-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDDYQLMKRKMSVHGNTEKKKIKKNFWGARLFDEGQTA--EFRRTKRTNRRRLA 73
WP_034700478.1    1 MTKD-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDDYQLMKRKMSVHGNTEKKKIKKNFWGARLFDEGQTA--EFRRTKRTNRRRLA 73
WP_007209003.1    1 MKND-YTIGLDIGTNSVGYSVVTDDYKVISKKMNVFGNTEKKSIKKNFWGVRLFESGQTA--QEARMKRTSRRRIA 73
WP_023519017.1    1 MEKE-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDDYRLVARKMSIQGDSNRKKIKKNFWGARLFEEGKTA--QFRRIKRTNRRRIA 73
WP_010770040.1    1 MKKE-YTIGLDIGTNSVGWAVLTENYDLVKKKMKVYGNTETKYLKKNLWGVRLFDEGETA--ADRRLKRTTRRRYS 73
WP_048604708.1    1 MGKE-YTIGLDIGTNSVGWAVLQEDLDLVRRKMKVYGNTEKNYLKKNFWGVDLFDEGMTA--KDTRLKRTTRRRYF 73
WP_010750235.1    1 MNKA-YTLGLDIGTNSVGWAVVTDDYRLMAKKMPVHSKMEKKKIKKNFWGARLFDEGQTA--EERRNKRATRRRLR 73
```

【数５４】

```
AII16583     1 ADKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 112
WP_029073316 1 NNKI-YNIGLDIGDASVGWAVVDEHYNLLKRH----------------GKHMWGSRLFTQANTA--VERRSSRSTRRRYN 65
WP_031589969 1 NNKI-YNIGLDIGDASVGWAVVDEHYNLLKRH----------------GKHMWGSRLFTQANTA--VERRSSRSTRRRYN 65
KDA45870     1 LKKD-YSIGLDIGTNSVGHAVVTDDYKVPTKKMKVFGDTSKKTIKKNMLGVLLFNEGQTA--ADTRLKRGARRRYT 74
WP_039099354 1 MSRP-YNIGLDIGTSSIGWSVVDDQSKLVSVR----------------GKYGYGVRLYDEGQTA--AERRSFRTTRRRLK 61
AKP02966     1 KEQP-YNIGLDIGTGSVGWAVTNDNYDLLNIK----------------KKNLWGVRLFEGAQTA--KETRLNRSTRRRYR 64
WP_010991369 1 MKKP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYDLVKRKMKIAGDSEKKQIKKNFWGVRLFDEGQTA--ADRRMARTARRRIE 73
WP_033838504 1 MKKP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYDLVKRKMKIAGDSEKKQIKKNFWGVRLFDEGQTA--ADRRMARTARRRIE 73
EHN60060     1 MKKP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYDLVKRKMKIAGDSEKKQIKKNFWGVRLFDEGQTA--ADRRMARTARRRIE 76
EFR89594       ---------------------------------------------------------------------------
WP_038409211 1 MRKP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYNLVKRKMKVAGSAEKKQIKKNFWGVRLFDEGEVA--AGRRMNRTTRRRIE 73
EFR95520       ---------------------------------------------------------------------------
WP_003723650 1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTNQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDDGQTA--VDRRMNRTARRRIE 73
WP_003727705 1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDDGQTA--VDRRMNRTARRRIE 73
WP_003730785 1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDDGQTA--VDRRMNRTARRRIE 73
WP_003733029 1 MKKP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYDLVKRKMKISGDSEKKQIKKNFWGVRLFEKGETA--AKRRMSRTARRRIE 73
WP_003739838 1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDEGETA--ADRRMNRTARRRIE 73
WP_014601172 1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTNQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDDGQTA--VDRRMNRTARRRIE 73
WP_023548323 1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTNQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDDGQTA--VDRRMNRTARRRIE 73
WP_031665337 1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDDGQTA--VDRRMNRTARRRIE 73
WP_031669209 1 MKKP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTDQYDLVKRKMKISGDSEKKQIKKNFWGVRLFEKGETA--AKRRMSRTARRRIE 73
WP_033920898 1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTNQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDDGQTA--VDRRMNRTARRRIE 73
AKI42028     1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTNQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDDGQTA--VDRRMNRTARRRIE 76
AKI50529     1 MKNP-YTIGLDIGTNSVGWAVLTNQYDLVKRKMKVAGNSDKKQIKKNFWGVRLFDDGQTA--VDRRMNRTARRRIE 76
EFR83390       ---------------------------------------------------------------------------
WP_046323366 1 MKKP-YTIGLDIGTNSVGWAALTDQYDLVKRKMKVAGNSEKKQIKKNLWGVRLVDEGKTA--AHRRVNRTTRRRIE 73
AKE81011     1 ADKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 89
CUO82355     1 I-VD-YCIGLDLGTGSVGWAVVDMNHRLMKRN----------------GKHLWGSRLFSNAETA--ATRRSSRSIRRRYN 64
WP_033162887 1 KDIR-YSIGLDIGTNSVGWAVMDEHYELLKKG----------------NHHMWGSRLFDAAEPA--ATRRASRSIRRRYN 65
AGZ01981     1 ADKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 106
AKA60242     1 MDKK-YSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 73
AKS40380     1 MDKK-YSIGLDIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 73
4UN5_B       1 MDKK-YSIGLAIGTNSVGWAVITDEYKVPSKKFKVLGNTDRHSIKKNLIGALLFDSGETA--EATRLKRTARRRYT 77
```

【数５５】

```
WP_010922251  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGN□V-DEVAYHEKYPTIY□LRKKLV  143
WP_039695303  75   RRKNRLRYLQEIFANEIAKVDESFFQRLDE-SFLT--DDDKT---F   DSHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKHLA  144
WP_045635197  74   RRKNRLRYLQEIFSEEMSKVDSSFFHRLDD-SFLI--PEDKR---E   SKYPIFATLT-EEKEYHKQFPTIYHLRKQLA  143
5AXW_A        62   RRRHRIQRVKKLLFD----------YNLLTDhSELS----------G   --NPYEARVK----------------GLSQKLS  104
WP_009880683       ----------------------------------------------   ----------------------------------
WP_010922251  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_011054416  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_011284745  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_011285506  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_011527619  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_012560673  74   RRKNRICYLQEIFSNEIAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_014407541  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_020905136  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_023080005  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_023610282  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_030125963  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_030126706  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_031488318  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_032460140  74   RRKNRICYLQEIFSNEIAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_032461047  74   RRKNRICYLQEIFSNEIAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_032462016  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_032462936  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_032464890  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_033888930       ----------------------------------------------   ----------------------------------
WP_038431314  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_038432938  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_038434062  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
BAQ51233      1    ----------MAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  54
KGE60162           ----------------------------------------------   ----------------------------------
KGE60856           ----------------------------------------------   ----------------------------------
WP_002989955  74   RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H   ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_003030002  74   RRRNRLRYLQEIFAEEMNKVDENFFQRLDD-SFLV--DEDKR---G   ERHPIFGNIA-AEVKYHDDFPTIYHLRKHLA  143
WP_003065552  75   RRKNRLRYLQEIFAEEMTKVDESFFQRLDE-SFLRwdDDNKK---L   GRYPIFGNKA-DVVKYHQEFPTIYHLRKHLA  146
WP_001040076  74   RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G   SKYPIFATLQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040078  74   RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G   SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040080  74   RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G   SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040081  74   RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G   SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040083  74   RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G   SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040085  74   RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G   SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
```

【数５６】

```
WP_001040087  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040088  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040089  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040090  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040091  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040092  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040094  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040095  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040096  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040097  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040098  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040099  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040100  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040104  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYXIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040105  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_001040106  74  CRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040107  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040108  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040109  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_001040110  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_015058523  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_017643650  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_017647151  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_017648376  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_017649527  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_017771611  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_017771984  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
CFQ25032      74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
CFV16040      74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
KLJ37842      74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
KLJ72361      74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
KLL20707      74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
KLL42645      74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_047207273  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_047209694  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKYYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_050198062  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_050201642  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
WP_050204027  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EDDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_050881965  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
```

【数５７】

```
WP_050886065  74  RRRNRILLYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
AHN30376      74  RRRNRILIYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATMQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
EAO78426      74  RRRNRILLYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFSTIYHLRKELA  143
CCW42055      74  RRRNRILIYLQEIFAEKMSKVDDSFFHRLED-SFLV--EEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKDYHEKFPTIYHLRKELA  143
WP_003041502  74  RRPNRLRYILQEIFAEEMMQVDESFFQRLDD-SFLV--DEDKR---G  ERHPIFGNIA-AEVKYHDEFPTIYHLRKHLA  143
WP_037593752  75  RRKNRLRYILQEIFTEEMNKVDENFFQRLDD-SFLV--EEDKQ---G  SKYPIFGTLK-EEKEYHKKFKTIYHLREELA  144
WP_049516684  75  RRRNRLRYILQEIFAEEMMQVDESFFQRLDD-SFLV--EEDKR---G  SRYPIFGNIA-AEVKYHDDFPTIYHLRKHLV  144
GAD46167      74  RRKNRLRYILQEIFTEEMNKVDENFFQRLDD-SFLV--EEDKQ---G  SKYPIFGTLK-EEKEYHKKFKTIYHLREELA  143
WP_018363470  75  RRKNRLRYILQDIFTEEMAKVDDSFFQRLDE-SFLT--DNDKN---F  DSHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKHLA  144
WP_003043819  74  RRKNRIRYILQEIFANEMAKLDDSFFQRLEE-SFLV--EEDKK---N  ERHPIFGNLA-DEVAYHRNYPTIYHLRKKLA  143
WP_006269658  74  RRKNRLRYILQEIFTGEMNKVDENFFQRLDD-SFLV--DEDKR---G  EHHPIFGNIA-AEVKYHDDFPTIYHLRRHLA  143
WP_048800889  74  RRKNRLRYILQEIFTEEMNKVDENFFQRLDD-SFLV--TEDKR---G  SKYPIFGTLK-EEKEYYKEFETIYHLRKRLA  143
WP_012767106  74  RRKNRIRYILQEIFSSEMSKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_014612333  74  RRKNRIRYILQEIFSSEMSKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_015017095  74  RRKNRIRYILQEIFSSEMSKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_015057649  74  RRKNRIRYILQEIFSSEMSKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_048327215  74  RRKNRIRYILQEIFSSEMSKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_049519324  74  RRKNRIRYILQEIFSSEMSKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLA  143
WP_012515931  74  RRKNRLRYILKEIFTEEMAKVDDGFFQRLED-SFYV--LEDKE---G  NKHPIFANLA-DEVAYHKKYPTIYHLRKELV  143
WP_021320964  74  RRKNRLRYLKEIFTEEMAKVDDGFFQRLED-SFYV--LEDKE---G  NKHPIFANLA-DEVAYHKKYPTIYHLRKELV  143
WP_037581760  74  RRKNRLRFLKEIFTEEMAKVDDGFFQRLED-SFYV--LEDKE---G  NKHPIFANLA-DEVAYHKKYPTIYHLRKELV  143
WP_004232481  74  RRKNRLRYILQEIFAKEMAKVDESFFQRLEE-SFLT--DDDKT---F  DSHPIFGNKA-EEDTYHQEFPTIYHLRKHLA  143
WP_009854540  75  RRKNRLRYILQEIFAEEMTKVDESFFYRLDE-SFLT--TDEKD---F  ERHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRNYLA  144
WP_012962174  75  RRKNRLRYILQEIFAEEMAKVDESFFYRLDE-SFLT--TDDKD---F  ERHPIFGNKA-DEIKYHQEFPTIYHLRKHLA  144
WP_039695303  75  RRKNRLRYILQEIFANEIAKVDESFFQRLDE-SFLT--DDDKT---F  DSHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKHLA  144
WP_014334983  74  RRKNRLRYILQEIFAKEMTKVDESFFQRLEE-SFLT--DDDKT---F  DSHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKYLA  143
WP_003099269  74  RRKYRIKELQKIFSSEMNELDIAFFPRLSE-SFLV--SDDKE---F  ENHPIFGNLK-DEITYHNDYPTIYHLRQTLA  143
AHY15608      74  RRKYRIKELQKIFSSEMNELDIAFFPRLSE-SFLV--SDDKE---F  ENHPIFGNLK-DEITYHNDYPTIYHLRQTLA  143
AHY17476      74  RRKYRIKELQKIFSSEMNELDIAFFPRLSE-SFLV--SDDKE---F  ENHPIFGNLK-DEITYHNDYPTIYHLRQTLA  143
ESR09100          ----------------------------------------------  ----------------------------    
AGM98575      74  RRKYRIKELQKIFSSEMNELDIAFFPRLSE-SFLV--SDDKE---F  ENHPIFGNLK-DEITYHNDYPTIYHLRQTLA  143
ALF27331      74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_018372492  74  RRRNRIRYILQHIFAEEMNRADENFFHRLKE-SFFV--EEDKT---Y  SKYPIFGTLE-EEKNYHKNYPTIYHLRKTLA  143
WP_045618028  75  RRKNRLRYILQEIFTEEMSKVDISFFHRLDD-SFLV--PEDKR---G  SKYPIFATLE-EEKEYHKNFPTIYHLRKHLA  144
WP_045635197  74  RRKNRLRYILQEIFSEEMSKVDSSFFHRLDD-SFLI--PEDKR---E  SKYPIFATLT-EEKEYHKQFPTIYHLRKQLA  143
WP_002263549  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002263887  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002264920  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLDE-SFLT--DDDKN---F  DSYPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKHLA  143
WP_002269043  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
```

【数５８】

```
WP_002269448  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002271977  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002272766  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002273241  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002275430  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002276448  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002277050  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLDE-SFLT--DDDKN---F  DSHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKHLA  143
WP_002277364  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002279025  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-FFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002279859  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLDE-SFLT--DDDKN---F  DSHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKHLA  143
WP_002280230  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002281696  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002282247  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLDE-SFLT--DDDKN---F  DSHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKHLA  143
WP_002282906  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002283846  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002287255  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002288990  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002289641  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002290427  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002295753  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVNDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002296423  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002304487  74  RRRNRILYLQEIFAEEMMQVDESFFQRLDD-SFLV--EEDKR---G  SRYPIFGTLK-EEKKYHKEFKTIYHLREKLA  143
WP_002305844  74  RRRNRILYLQEIFSEEMDKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002307203  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002310390  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_002352408  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_012997688  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_014677909  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_019312892  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_019313659  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_019314093  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_019315370  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ECHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_019803776  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_019805234  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_024783594  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_024784288  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLDE-SFLT--DDDKN---F  DSHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKHLA  143
WP_024784666  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_024784894  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
WP_024786433  74  RRRNRILYLQEIFAEEMNKVDDSFFHRLDE-SFLT--DDDKN---F  DSHPIFGNKA-EEDAYHQKFPTIYHLRKHLA  143
```

【数５９】

```
WP_049473442  74  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYYENFPTIYHLRQYLA  143
WP_049474547  74  RRRNRILYLQEIFSEEMGKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  143
EMC03581      67  RRRNRILYLQEIFAEEMSKVDDSFFHRLED-SFLV--TEDKR---G  ERHPIFGNLE-EEVKYHENFPTIYHLRQYLA  136
WP_000428612  75  RRKNRLRYLQEIFAEEMSKVDSSFFHRLDD-SFLI--PEDKK---G  SKYPIFATLI-EEKEYHKQFPTIYHLRKQLA  144
WP_000428613  75  RRKNRLRYLQEIFAEEMSKVDSSFFHRLDD-SFLI--PEDKR---G  SKYPIFATLA-EEKEYHKQFPTIYHLRKQLA  144
WP_049523028  74  RRRNRILYLQEIFAAEMNKVDESFFHRLDD-SFLV--PEDKR---G  SKYPIFGTLE-EEKEYHKQFPTIYYLRKILA  143
WP_003107102  43  RRINRIKYLQSIFDDEMSKIDSAFFQRIKD-SFLV--PDDKN---D  DRHPIFGNIK-DEVDYHKNYPTIYHLRKKLA  112
WP_054279288  76  RRKNRLCYLRDIFESEMHTIDKHFFLRLED-SFLH--KSDKR---Y  EAHPIFGTLQ-EEKAYHDNYPTIYHLRKALA  145
WP_049531101  75  RRKNRLRYLQEIFSEEISKVDNSFFHRLDD-SFLV--PEDKR---G  SKYPIFATLT-EEKEYYKQFPTIYHLRKQLA  144
WP_049538452  75  RRKNRLRYLQEIFAEEMNKVDSSFFHRLDD-SFLV--PEDKR---G  SKYPIFATLA-EEKEYHKNFPTIYHLRKQLA  144
WP_049549711  75  RRKNRLRYLQEIFSGEMSKVDSSFFHRLDD-SFLV--PEDKR---G  SKYPIFATLV-EEKEYHKQFPTIYHLRKQLA  144
WP_007896501  76  RRRYRLCQLQNIFATEMVKVDDTFFQRLSE-SFFY--YQDKA---F  DKHPIFGNSK-EERAYHKTYPTIYHLRKDLA  145
EFR44625      28  RRRYRLCQLQNIFATEMVKVDDTFFQRLSE-SFFY--YQDKA---F  DKHPIFGNSK-EERAYHKTYPTIYHLRKDLA  97
WP_002897477  74  RRRNRILYLQEIFTESMNEIDESFFHRLDD-SFLV--PEDKR---G  SKYPIFATLQ-EEKEYHKQFPTIYHLRKQLA  143
WP_002906454  74  RRKNRLRYLQEIFSEEISKLDSSFFHRLDD-SFLV--PEDKR---G  SKYPIFATLE-EEKEYHKKFPTIYHLRKHLA  143
WP_009729476  75  RRKNRLRYLQEIFSEEIGKVDSSFFHRLDD-SFLI--PEDKR---G  SKYPIFATLA-EEKKYHKQFPTIYHLRKQLA  144
CQR24647      74  RRRNRILYLQDIFSPELNQVDESFLHRLDD-SFLVa--EDKR---G  ERHVIFGNIA-DEVKYHKEFPTIYHLRKHLA  143
WP_000066813  75  RRKNRLRYLQEIFSQEISKVDSSFFHRLDD-FFLV--PEDKR---G  SKYPIFATLV-EEKEYHKKFPTIYHLRKHLA  144
WP_009754323  75  RRKNRLRYLQEIFAEEMSKVDSSFFHRLDD-SFLV--PEDKS---G  SKYPIFATLA-EEKEYHKKFPTIYHLRKHLA  144
WP_044674937  74  RRRNRILYLQEIFAEEINKIDDSFFQRLDD-SFLIv--EDKQ---G  SKHPIFGTLQ-EEKKYHKQFPTIYHLRKQLA  143
WP_044676715  74  RRRNRILYLQEIFAEEINKIDDSFFQRLDD-SFLIv--EDKQ---G  SKHPIFGTLQ-EEKEYHKQFPTIYHLRKQLA  143
WP_044680361  74  RRRNRILYLQEIFAEEINKIDDSFFQRLDD-SFLIv--EDKQ---G  SKHPIFGTLQ-EEKEYHKQFPTIYHLRKQLA  143
WP_044681799  74  RRRNRILYLQEIFAEEINKIDDSFFQRLDD-SFLIv--EDKQ---G  SKHPIFGTLQ-EEKKYHKQFPTIYHLRKQLA  143
WP_049533112  74  RRRNRLRYLQEIFAEEMNKVDENFFQRLDD-SFLV--DEDKR---G  ERHPIFGNIA-AEVKYHDDFPTIYHLRKHLA  143
WP_029090905  28  HRKFRLRLLEDMFEKEILSKDPSFFIRLKE-AFLSpkDEQKQ---F  ----LFNDKDyTDADYYEQYKTTIYHLRYDLI  100
WP_006506696  61  KRRERIRLLRAILQDMVLEKDPTFFIRLEHtSFLD--EEDKAylG  DNYNLFIDEDfNDYTYYHKYPTIYHLRKALC  139
AIT42264      74  RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_034440723  73  RRRFRIRELQKIFDKSMGEVDSNFFHRLDE-SFLV--EEDKE---Y  SKYPIFSNEK-EDKNYYDKYPTIYHLRKDLA  142
AKQ21048      74  RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
WP_004636532  74  RRRNRLIYLQDIFQQPMLAIDENFFHRLDD-SFFV--PDDKS---Y  DRHPIFGSLE-EEVAYHNTYPTIYHLRKHLA  143
WP_002364836  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTDLDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_016631044  25  RRRNRLRYLQAFFEEAMTDLDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  94
EMS75795      --  ----------------------------------------------  ----------------------------------------
WP_002373311  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTDLDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_002378009  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTALDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_002407324  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTALDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_002413717  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTDLDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_010775580  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTALDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_010818269  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTALDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
```

【数６０】

```
WP_010824395  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTDLDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_016622645  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTALDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_033624816  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTALDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_033625576  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTALDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_033789179  74  RRRNRLRYLQAFFEEAMTALDENFFARLQE-SFLV--PEDKK---W  HRHPIFAKLE-DEVAYHETYPTIYHLRKKLA  143
WP_002310644  74  RRRQRILELQKIFAPEILKIDEHFFARLNE-SFLV--LDEKK---Q  SRHPVFATIK-QEKSYHQTYPTIYHLRQALA  143
WP_002312694  74  RRRQRILELQKIFAPEILKIDEHFFARLNE-SFLV--PDEKK---Q  SRHPVFATIK-QEKSYHQTYPTIYHLRQALA  143
WP_002314015  74  RRRQRILELQKIFAPEILKIDEHFFARLNE-SFLV--LDEKK---Q  SRHPVFATIK-QEKSYHQTYPTIYHLRQALA  143
WP_002320716  74  RRRQRILELQKIFAPEILKIDEHFFARLNE-SFLV--LDEKK---Q  SRHPVFATIK-QEKSYHQTYPTIYHLRQALA  143
WP_002330729  74  RRRQRILELQKIFAPEILKIDEHFFARLNE-SFLV--LDEKK---Q  SRHPVFATIK-QEKSYHQTYPTIYHLRQALA  143
WP_002335161  74  RRRQRILELQKIFAPEILKIDEHFFARLNE-SFLV--LDEKK---Q  SRHPVFATIK-QEKSYHQTYPTIYHLRQALA  143
WP_002345439  74  RRRQRILELQKIFAPEILKIDEHFFARLNE-SFLV--LDEKK---Q  SRHPVFATIK-QEKSYHQTYPTIYHLRQALA  143
WP_034867970  74  RRKYRLSKLQDLFAEELCKQDDCFFVRLEE-SFLV--PEEKQ---Y  KPASIFPTLE-EEKEYYQKYPTIYHLRQKLV  143
WP_047937432  74  RRRQRILELQKIFAPEILKIDEHFFARLNE-SFLV--LDEKK---Q  SRHPVFATIK-QEKSYHQTYPTIYHLRQALA  143
WP_010720994  74  RRKYRLSKLQDLFAEELCKQDDCFFVRLEE-SFLV--PEEKQ---Y  KPASIFPTLE-EEKEYYQKYPTIYHLRQKLV  143
WP_010737004  74  RRKYRLSKLQDLFAEELCKQDDCFFVRLEE-SFLV--PEEKQ---Y  KPASIFPTLE-EEKEYYQKYPTIYHLRQKLV  143
WP_034700478  74  RRKYRLSKLQDLFAEELCKQDDCFFVRLEE-SFLV--PEEKQ---Y  KPASIFPTLE-EEKEYYQKYPTIYHLRQKLV  143
WP_007209003  74  RRKNRICYLQEIFQPEMNHLDNNFFYRLNE-SFLVa--DDAK---Y  DKHPIFGTLD-EEIHFHEQFPTIYHLRKYLA  143
WP_023519017  74  RRRQRVLALQDIFAEEIHKKDPNFFARLEE-GDRV--EADKR---F  AKFPVFATLS-EEKNYHRQYPTIYHLRHDLA  143
WP_010770040  74  RRRNRICRLQDLFTEEMNQVDANFFHRLQE-SFLV--PDEKE---F  ERHAIFGKME-EEVSYYREFPTIYHLRKHLA  143
WP_048604708  74  RRRQRISYLQTFFQEEMNRIDPNFFNRLDE-SFLI--EEDKL---S  ERHPIFGTIE-EEVAYHKNYATIYHLRKELA  143
WP_010750235  74  RRKYRILELQKIFSEEILKKDSHFFARLDE-SFLI--PEDKQ---Y  ARFPIFPTLL-EEKAYYQNYPTIYHLRQKLA  143
AII16583     113  RRKNRICYLQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  182
WP_029073316  66  KRRERIRLLRGIMEDMVLDVDPTFFIRLANvSFLD--QEDKKdylK  SNYNLFIDKDfNDKTYYDKYPTIYHLRKHLC  144
WP_031589969  66  KRRERIRLLREIMEDMVLDVDPTFFIRLANvSFLD--QEDKKdylK  SNYNLFIDKDfNDKTYYDKYPTIYHLRKHLC  144
KDA45870      75  RRKNRLRYLQEIFAPALAKVDPNFFYRLEE-SSLVa--EDKK---Y  DVYPIFGKRE-EELLYHDTHKTIYHLRSELA  144
WP_039099354  62  RRKWRLGLLREIFEPYITPVDDTFFLRKKQ-SNLS--PKDQR---K  -QTSLFNDRT--DRAFYDDYPTIYHLRYKLM  132
AKP02966      65  RRKNRINWLNEIFSEELANTDPSFLIRLQN-SWVSkkDPDRK---R  DKYNLFIDNFyTDKEYYREFPTIFHLRKELI  137
WP_010991369  74  RRRNRISYLQGIFAEEMSKTDANFFCRLSD-SFYV--DNEKR---N  SRHPFFATIE-EEVEYHKNYPTIYHLREELV  143
WP_033838504  74  RRRNRISYLQGIFAEEMSKTDANFFCRLSD-SFYV--DNEKR---N  SRHPFFATIE-EEVEYHKNYPTIYHLREELV  143
EHN60060      77  RRRNRISYLQGIFAEEMSKTDANFFCRLSD-SFYV--DNEKR---N  SRHPFFATIE-EEVEYHKNYPTIYHLREELV  146
EFR89594          ----------------------------------------------  ----------------------------------------------
WP_038409211  74  RRRNRIAYLQEIFAAEMAEVDANFFYRLED-SFYI--ESEKR---H  SRHPFFATIE-EEVAYHEEYKTIYHLREKLV  143
EFR95520          ----------------------------------------------  ----------------------------------------------
WP_003723650  74  RRRNRISYLQEIFAVEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHDNYRTIYHLREKLV  143
WP_003727705  74  RRRNRISYLQEIFAVEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHKNYRTIYHLREELV  143
WP_003730785  74  RRRNRISYLQEIFAVEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHKNYRTIYHLREELV  143
WP_003733029  74  RRRNRISYLQEIFAIQMNEVDDNFFNRLKE-SFYA--ESDKK---Y  NRHPFFGTVE-EEVAYYKDFPTIYHLRKELI  143
WP_003739838  74  RRRNRISYLQEIFALEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHKNYRTIYHLREELV  143
```

【数６１】

```
WP_014601172  74   RRRNRISYILQEIFAVEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHKNYRTIYHLREELV  143
WP_023548323  74   RRRNRISYILQEIFAVEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHKNYRTIYHLREELV  143
WP_031665337  74   RRRNRISYILQEIFAVEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHKNYRTIYHLREELV  143
WP_031669209  74   RRRNRISYILQEIFAIQMNEVDDNFFNRLKE-SFYA--ESDKK---Y  NRHPFFGTVE-EEVAYYKDFPTIYHLRKELI  143
WP_033920898  74   RRRNRISYILQEIFAVEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHKNYRTIYHLREELV  143
AKI42028      77   RRRNRISYILQEIFAVEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHKNYRTIYHLREELV  146
AKI50529      77   RRRNRISYILQEIFAVEMANIDANFFCRLND-SFYV--DSEKR---N  SRHPFFATIE-EEVAYHKNYRTIYHLREELV  146
EFR83390           ----------------------------------------------  ----------------------------  
WP_046323366  74   RRRNRISYILQEIFTAEMFEVDANFFYRLED-SFYI--ESEKR---Q  SRHPFFATIE-EEVAYHENYRTIYHLREKLV  143
AKE81011      90   RRKNRICYILQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  159
CUO82355      65   KRRERIRLLRAILQDMVLEKDPTFFIRLEHtSFLD--EEDKAkylG  DNYNLFIDEDfNDYTYYHKYPTIYHLRKALC  143
WP_033162887  66   KRRERIRLLRDLLGDMVMEVDPTFFIRLLNvSFLD--EEDKQknlG  DNYNLFIEKDfNDKTYYDKYPTIYHLRKELC  144
AGZ01981      107  RRKNRICYILQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  176
AKA60242      74   RRKNRICYILQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
AKS40380      74   RRKNRICYILQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  143
4UN5_B        78   RRKNRICYILQEIFSNEMAKVDDSFFHRLEE-SFLV--EEDKK---H  ERHPIFGNIV-DEVAYHEKYPTIYHLRKKLV  147
```

【数６２】

```
WP_010922251  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDV□KL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_039695303  145  DSSEKADLRLVYLALALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKI--FADFVGVYNRT--FDDS-H  LSEITVDVA---SI  212
WP_045635197  144  DSKEKTDLRLIYLALALAHMIKYRGHFLYEEA-FDIKNNDIQKI--FNEFISIYDNT--FEGS-S  LSGQNAQVE---AI  211
5AXW_A        105  EEEFSA--------ALLHLAKRRG---VHNV-------NEVE----------------EDT----GN--  ----------E-----  134
                   ------------------------------------------------------------------  ----------------
WP_009880683       ------------------------------------------------------------------  ----------------
WP_010922251  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_011054416  144  DSTDKVDLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_011284745  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_011285506  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_011527619  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_012560673  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_014407541  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQIYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_020905136  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_023080005  144  DSTDKVDLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_023610282  144  DSTDKVDLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_030125963  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_030126706  144  DSTDKVDLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_031488318  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_032460140  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_032461047  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGG-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_032462016  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INANGVDAK---AI  211
WP_032462936  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_032464890  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_033888930  1    ---------------------------------PDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  36
WP_038431314  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_038432938  144  DSTDKVDLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
WP_038434062  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASRVDAK---AI  211
BAQ51233      55   DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  122
KGE60162           ------------------------------------------------------------------  ----------------
KGE60856           ------------------------------------------------------------------  ----------------
WP_002989955  144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_003030002  144  DISQKADLRLVYLALALAHMIKFRGHFLIEGQ-LKAENTNVQAL--FKDFVEVYDKT--VEES-H  LSEMTVDAL---SI  211
WP_003065552  147  DSSEKADLRLVYLALALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKI--FADFVGVYDRT--FDDS-H  LSEITVDAA---SI  214
WP_001040076  144  DKKEKADLRLVYLALALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQDVDVE---AI  212
WP_001040078  144  DKQEKADLRLIYLALALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040080  144  DKKEKADLRLIYIALALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNIT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040081  144  DKKEKADLRLIYIALALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTI--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040083  144  DKKEKADLRLIYIALALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040085  144  DKKEKADLRLIYIALALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
```

【数６３】

```
WP_001040087  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040088  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040089  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040090  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040091  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040092  144  DKKEKADLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTS--FENN-H  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040094  144  DKKEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040095  144  DKKEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040096  144  DKKEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040097  144  DKKEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040098  144  DKKEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040099  144  DKKEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040100  144  DKKEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040104  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040105  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_001040106  144  DKKEKANLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDVE---GI  212
WP_001040107  144  DKKEKADLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDVE---GI  212
WP_001040108  144  DKKEKADLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDVE---GI  212
WP_001040109  144  DKKEKANLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDVE---GI  212
WP_001040110  144  DKKEKANLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDVE---GI  212
WP_015058523  144  DKKEKADLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTS--FENN-H  LLSQNVDVE---AI  212
WP_017643650  144  DKKEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_017647151  144  DKKEKADLRLFYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDIE---GI  212
WP_017648376  144  DKKEKADLRLFYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDVE---GI  212
WP_017649527  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_017771611  144  DKKEKADLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDVE---GI  212
WP_017771984  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
CFQ25032      144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
CFV16040      144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
KLJ37842      144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
KLJ72361      144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
KLL20707      144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
KLL42645      144  DKKEKANLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDVE---GI  212
WP_047207273  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_047209694  144  DKKEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_050198062  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_050201642  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
WP_050204027  144  DKKEKANLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDIQRQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H  LLSQNIDVE---GI  212
WP_050881965  144  DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D  LLSQNVDVE---AI  212
```

【数６４】

```
WP_050886065 144 DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D LLSQNVDVE---AI 212
AHN30376     144 DKKEKADLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTS--FENN-H LLSQNVDVE---AI 212
EAO78426     144 DKKEKADLRLIYIALAHIIKFRGHFLIEDDsFDVRNTDISKQ--YQDFLEIFNTT--FENN-D LLSQNVDVE---AI 212
CCW42055     144 DKKEKADLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEDDrFDVRNTDIQKQ--YQAFLEIFDTT--FENN-H LLSQNVDVE---AI 212
WP_003041502 144 DISQKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGQ-LKAENTNVQAL--FKDFVEVYDKT--VEES-H LSEITVDAL---SI 211
WP_037593752 145 NSKEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLYEGD-LKAENTDVQAL--FKDFVEEYDKT--IEES-H LSEITVDAL---SI 212
WP_049516684 145 DISQKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGQ-LKAENTNVQAL--FKDFVEVYDKT--VEES-H LSEMTVDAL---SI 212
GAD46167     144 NSKEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLYEGD-LKAENTDVQAL--FKDFVEEYDKT--IEES-H LSEITVDAL---SI 211
WP_018363470 145 DSTEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKL--FTDFVGVYDRT--FDDS-H LSEITVDAA---SI 212
WP_003043819 144 DSPEKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEGK-LNAENSDVAKL--FYQLIQTYNQL--FEES-- LDEIEVDAK---GI 211
WP_006269658 144 DTSKKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLYEGD-LKAENTDVQAL--FKDFVEEYDKT--IEES-H LSEITVDAL---SI 211
WP_048800889 144 DSTGKVDLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGQ-LKAENTDVQTL--FNDFVEVYDKT--IEES-H LAEITVDAL---SI 211
WP_012767106 144 DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDMDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN-- INASRVDAK---AI 211
WP_014612333 144 DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEK-- INASGVDAK---AI 211
WP_015017095 144 DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDMDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN-- INASRVDAK---AI 211
WP_015057649 144 DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDMDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN-- INASRVDAK---AI 211
WP_048327215 144 DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDMDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN-- INASRVDAK---AI 211
WP_049519324 144 DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN-- INASRVDAK---AI 211
WP_012515931 144 DNPQKADLRLIYLALAVAHIIKFRGHFLIEGT-LSSKNNNLQKS--FDHLVDTYNLL--FEEQ-- LLTEGINAK---EL 211
WP_021320964 144 DNPQKADLRLIYLALAVAHIIKFRGHFLIEGT-LSSKNNNLQKS--FDHLVDTYNLL--FEEQ-- LLTEGINAK---EL 211
WP_037581760 144 DNPQKADLRLIYLALAVAHIIKFRGHFLIEGT-LSSKNNNLQKS--FDHLVDTYNLL--FEEQ-- LLTEGINAK---EL 211
WP_004232481 144 DSPEKVDLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGQ-LNAENTDVQKI--FADFVGVYDRT--FDDS-H LSEITVDAA---SI 211
WP_009854540 145 DSSEKADLRLVYLALAHMIKYRGHFLIEGK-LNAENTDVQKL--FTDFVGVYDRT--FDDS-H LSEITVDVA---ST 212
WP_012962174 145 DSHEKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKL--FEAFVEVYDRT--FDDS-N LSEITVDAS---SI 212
WP_039695303 145 DSSEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKI--FADFVGVYNRT--FDDS-H LSEITVDVA---SI 212
WP_014334983 144 DSQEKADLRLVYLALAHMIKYRGHFLIEGE-LNAENTDVQKL--FNVFVETYDKI--VDES-H LSEIEVDAS---SI 211
WP_003099269 144 DSDQKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEGN-LDSENTDVHVL--FLNLVNIYNNL--FEED-- VETASIDAE---KI 211
AHY15608     144 DSDQKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEGN-LDSENTDVHVL--FLNLVNIYNNL--FEED-- VETASIDAE---KI 211
AHY17476     144 DSDQKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEGN-LDSENTDVHVL--FLNLVNIYNNL--FEED-- VETASIDAE---KI 211
ESR09100     ---------------------------------------------------------------- ---------- ---
AGM98575     144 DSDQKADLRLIYLALAHIIKFRGHFLIEGN-LDSENTDVHVL--FLNLVNIYNNL--FEED-- VETASIDAE---KI 211
ALF27331     144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_018372492 144 DTPDKMDIRLIYLALAHIIKYRGHFLIEGD-LDIENIGIQDS--FKSFIEEYNTQ--FGTK-- -LDSTTKVE---AI 209
WP_045618028 145 DSKEKADFRLIYLALAHIIKYRGHFLYEES-FDIKNNDIQKI--FNEFISIYDNT--FEGS-S LNGQNAQVE---AI 212
WP_045635197 144 DSKEKTDLRLIYLALAHMIKYRGHFLYEEA-FDIKNNDIQKI--FNEFISIYDNT--FEGS-S LSGQNAQVE---AI 211
WP_002263549 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002263887 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002264920 144 DSTEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKL--FADFVGVYDRT--FDDS-H LSEITVDAS---SI 211
WP_002269043 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
```

【数６５】

```
WP_002269448 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002271977 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002272766 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002273241 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002275430 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002276448 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002277050 144 DSTEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKL--FADFVGVYDRT--FDDS-H LSEITVDAS---SI 211
WP_002277364 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002279025 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002279859 144 DSTEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKL--FADFVGVYDRT--FDDS-H LSEITVDAS---SI 211
WP_002280230 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002281696 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002282247 144 DSTEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKL--FADFVGVYDRT--FDDS-H LSEITVDAS---SI 211
WP_002282906 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002283846 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002287255 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002288990 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002289641 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002290427 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002295753 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002296423 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFGGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002304487 144 NSTEKADLRLVYLSLAHMIKFRGHFLIEGQ-LKAENTNVQAL--FKDFVEVYDKT--VEES-H LSEMTVDAL---SI 211
WP_002305844 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002307203 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQKL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002310390 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_002352408 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_012997688 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_014677909 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_019312892 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_019313659 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_019314093 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQKL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_019315370 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_019803776 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_019805234 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_024783594 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_024784288 144 DSTEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKL--FADFVGVYDRT--FDDS-H LSEITVDAS---SI 211
WP_024784666 144 DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_024784894 144 DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S LQEQNVQVE---EI 211
WP_024786433 144 DSTEKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGE-LNAENTDVQKL--FADFVGVYDRT--FDDS-H LSEITVDAS---SI 211
```

【数６６】

```
WP_049473442  144  DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S  LQEQNVQVE---EI  211
WP_049474547  144  DNPEKTDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S  LQEQNVQVE---EI  211
EMC03581      137  DNPEKVDLRLVYLALAHIIKFRGHFLIEGK-FDTRNNDVQRL--FQEFLAVYDNT--FENS-S  LQEQNVQVE---EI  204
WP_000428612  145  DSKEKTDLRLIYLALALAHMIKYRGHFLYEDT-FDIKNNDIQKI--FNEFISIYNNT--FEGN-S  LSGQNVQVE---AI  212
WP_000428613  145  DSKEKTDLRLIYLALALAHMIKYRGHFLYEDT-FDIKNNDIQKI--FSEFISIYDNT--FEGS-S  LSGQNAQVE---AI  212
WP_049523028  144  DSKEKVDLRLIYLALALAHIIKYRGHFLYEDS-FDIKNNDIQKI--FNEFTILYDNT--FEES-S  LSKGNAQVE---EI  211
WP_003107102  113  DSDEKADLRLIYLALALAHIIKFRGHFLIEGD-LDSQNTDVNAL--FLKLVDTYNLM--FEDD--  IDTQTIDAT---VI  180
WP_054279288  146  DNTEKADLRLIYLALALAHIIKFRGHFLIEGA-LSANNTDVQQL--VHALVDAYNIM--FEED--  LDIEAIDVK---AI  213
WP_049531101  145  DSKEKADLRLIYLTLAHMIKYRGHFLYEES-FDIKNNDIQKI--FNEFISIYDNT--FEGS-S  LSGQNAQVE---AI  212
WP_049538452  145  DSKEKADLRLIYLALAHMIKYRGHFLYEEA-FDIKNNDIQKI--FNEFINIYDNT--FEGS-S  LSGQNEQVE---AI  212
WP_049549711  145  DSKEKADLRLIYLVLAHMIKYRGHFLYEEA-FDIKNNDIQKI--FNEFISIYDNT--FEGS-S  LSGQNAQVE---TI  212
WP_007896501  146  DRDQKADLRLIYLALSHIIKFRGHFLIEGK-LNSENTDVQKL--FIALVTVYNLL--FEEE--  IAGETCDAK---AL  213
EFR44625       98  DRDQKADLRLIYLALSHIIKFRGHFLIEGK-LNSENTDVQKL--FIALVTVYNLL--FEEE--  IAGETCDAK---AL  165
WP_002897477  144  DSKEKSDVRLIYLALALAHMIKYRGHFLYEET-FDIKNNDIQKI--FNEFINIYDNT--FEGS-S  LSGQNAQVE---AI  211
WP_002906454  144  DSKEKTDLRLIYLALALAHMIKYRGHFLYEES-FDIKNNDIQKI--FNEFISIYDNT--FEGS-S  LSGQNAQVE---AI  211
WP_009729476  145  DSKEKTDLRLIYLALALAHMIKYRGHFLYEEA-FDIKNNDIQKI--FNEFISIYNNT--FEGN-S  LSGQNVQVE---AI  212
CQR24647      144  DSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGHFLIDEP-IDIRNMNSQNL--FKEFLLAFDGI--QVDC-Y  LASKHTDIS---GI  211
WP_000066813  145  DSKEKTDLRLIYLALALAHMIKYRGHFLYEES-FDIKNNDIQKI--FSEFISIYDNT--FEGK-S  LSGQNAQVE---AI  212
WP_009754323  145  DSKEKADLRLIYLALALAHITKYRGHFLYEEA-FDIKNNDIQKI--FNEFINIYDNT--FEGS-S  LSGQNAQVE---AI  212
WP_044674937  144  DSSQKADIRLIYLALAHIIKYRGHFLFEGD-LKSENKDVQHL--FNDFVEMFDKT--VEGS-Y  LSENLPNVA---DV  211
WP_044676715  144  DSSQKADIRLIYLALAHIIKYRGHFLFEGD-LKSENKDVQHL--FNDFVEMFDKT--VEGS-Y  LSENLPNVA---DV  211
WP_044680361  144  DSSQKADIRLIYLALAHIIKYRGHFLFEGD-LKSENKDVQHL--FNDFVEMFDKT--VEGS-Y  LSENLPNVA---DV  211
WP_044681799  144  DSSQKADIRLIYLALAHIIKYRGHFLFEGD-LKSENKDVQHL--FNDFVEMFDKT--VEGS-Y  LSENLPNVA---DV  211
WP_049533112  144  DISQKADLRLVYLALAHMIKFRGHFLIEGQ-LKAENTNVQAL--FKDFVEVYDKT--VEES-H  LSEMTVDAL---SI  211
WP_029090905  101  SQHRQFDIREVYLAIHHLIKYRGHFIYEDQtFTTDGNQLQHH--IKAIITMINST1---NR--  IIPETIDINvfeKI  171
WP_006506696  140  ESTEKADPRLIYLALHHIVKYRGNFLYEGQkFNMDASNIEDK--LSDIFTQFTSFnnIPYEdD  --KKNLEIL---EI  210
AIT42264      144  DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_034440723  143  DSNQKADLRLIYLALALAHMIKYRGHFLIEGD-LKMDGISISES--FQEFIDSYNEVcaLEDE-N  NDELLTQIE---NI  217
AKQ21048      144  DSTDKADLRLIYLALALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
WP_004636532  144  DNPEKADLRLVYTALAHIVKYRGHFLIEGE-LNTENTSISET--FEQFLDTYSDI--FKEQ--  LVGDISKVE---EI  210
WP_002364836  144  DSSEQADLRLIYLALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKEQ--FQQFMIIYNQT--FVNGeS  PLPESVLIE---EE  217
WP_016631044   95  DSSEQADLRLIYLALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENTSVKDQ--FQQFMVIYNQT--FVNGeS  PLPESVLIE---EE  168
EMS75795           ----------------------------------------------------------  ----------  
WP_002373311  144  DSSEQADLRLIYLALALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENTSVKEQ--FQQFMVIYNQT--FVNGeS  PLPESVLIE---EE  217
WP_002378009  144  DSSEQADLRLIYLALALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKEQ--FQQFMIIYNQT--FVNGeS  PLPESVLIE---EE  217
WP_002407324  144  DSSEQADLRLIYLALALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKEQ--FQQFMIIYNQT--FVNGeS  PLPESVLIE---EE  217
WP_002413717  144  DSSEQADLRLIYLALALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKEQ--FQQFMIIYNQT--FVNGeS  PLPESVLIE---EE  217
WP_010775580  144  DSSEQADLRLIYLALALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKEQ--FQQFMIIYNQT--FVNGeS  PLPESVLIE---EE  217
WP_010818269  144  DSSEQADLRLIYLALALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKEQ--FQQFMIIYNQT--FVNGeS  PLPESVLIE---EE  217
```

【数６７】

```
WP_010824395  144  DSSEQADLRLIYLALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENTSVKDQ--FQQFMVIYNQT--FVNGeS  217
WP_016622645  144  DSSEQADLRLIYLALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKEK--FQQFMIIYNQT--FVNGeG  217
WP_033624816  144  DSSEQADLRLIYLALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKDQ--FQQFMVIYNQT--FVNGeS  217
WP_033625576  144  DSSEQADLRLIYLALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKEQ--FQQFMIIYNQT--FVNGeS  217
WP_033789179  144  DSSEQADLRLIYLALAHIVKYRGHFLIEGK-LSTENISVKEQ--FQQFMIIYNQT--FVNGeS  217
WP_002310644  144  DSSEKADIRLVYLAMAHLLKYRGHFLIEGE-LNTENSSVTET--FRQFLSTYNQQ--FSEA-D  216
WP_002312694  144  DSSEKADIRLVYLAMAHLLKYRGHFLIEGE-LNTENSSVTET--FRQFLSTYNQQ--FSEA-G  216
WP_002314015  144  DSSEKADIRLVYLAMAHLLKYRGHFLIEGE-LNTENSSVTET--FRQFLSTYNQQ--FSEA-D  216
WP_002320716  144  DSSEKADIRLVYLAMAHLLKYRGHFLIEGE-LNTENSSVTET--FRQFLSTYNQQ--FSEA-D  216
WP_002330729  144  DSSEKADIRLVYLAMAHLLKYRGHFLIEGE-LNTENSSVTET--FRQFLSTYNQQ--FSEA-D  216
WP_002335161  144  DSSEKADIRLVYLAMAHLLKYRGHFLIEGE-LNTENSSVTET--FRQFLSTYNQQ--FSEA-D  216
WP_002345439  144  DSSEKADIRLVYLAMAHLLKYRGHFLIEGE-LNTENSSVTET--FRQFLSTYNQQ--FSEA-D  216
WP_034867970  144  DSTEKEDLRLVYLALAHLLKYRGHFLFEGD-LDTENTSIEES--FRVFLEQYSKQ--SDQP--  209
WP_047937432  144  DSSEKADIRLVYLAMAHLLKYRGHFLIEGE-LNTENSSVTET--FRQFLSTYNQQ--FSEA-D  216
WP_010720994  144  DSTEKGDLRLVYLALAHLLKYRGHFLFEGD-LDTENTSIEES--FRVFLEQYGKQ--SDQP--  209
WP_010737004  144  DSTEKEDLRLVYLALAHLLKYRGHFLFEGD-LDTENTSIEES--FRVFLEQYSKQ--SDQP--  209
WP_034700478  144  DSTEKEDLRLVYLALAHLLKYRGHFLFEGD-LDTENTSIEES--FRVFLEQYGKQ--SDQP--  209
WP_007209003  144  DGDEKADLRLVYLAIAHIIKFRGNFLIEGE-LNTENNSVIELs--KVFVQLYNQTl-SELE--  214
WP_023519017  144  NSKEQADIRLVYLAIAHCLKYRGHFLFEGE-LDTENTSVTEN--YQQFLQAYQQF--FPEP--  209
WP_010770040  144  DTSEQADLRLVYLALAHIVKYRGHFLIEGE-LNTENSSVSET--FRTFIQVYNQI--FRENe-  212
WP_048604708  144  DAEEKADLRLVYLALAHIIKYRGHFLIEGR-LSTENTSTEET--FKTFLQKYNQT--FN----  208
WP_010750235  144  DSTEKADIRLVYLALAHMIKYRGHFLFEGE-LDTENTSVEET--FKEFIDIYNEQ--FEEG--  209
AII16583      183  DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  250
WP_029073316  145  ESKEKEDPRLIYLALHHIVKYRGNFLYEGQkFSMDVSNIEDK--MIDVLRQFNEInlFEYVeD  215
WP_031589969  145  ESKEKEDPRLIYLALHHIVKYRGNFLYEGQkFSMDVSNIEDK--MIDVLRQFNEInlFEYVeD  215
KDA45870      145  NNDRPADLRLVYLALAHIIKYRGNFLLEGE-IDLRTTDINKV--FAEFSETLNEN--SDENlG  209
WP_039099354  133  TEKRQFDIREIYLAMHHIVKYRGHFLNEAPvSSFKSSEINLVahFDRLNTIFADL--FSESgF  206
AKP02966      138  INKNKADIRLVYLALHNILKYRGNFTYEHQkFNISTLNSNLS---KELIELNQQLikYDIS--  208
WP_010991369  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTQNTSVDGI--YKQFIQTYNQV--FASGiE  217
WP_033838504  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTQNTSVDGI--YKQFIQTYNQV--FASGiE  217
EHN60060      147  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTQNTSVDGI--YKQFIQTYNQV--FASGiE  220
EFR89594           ----------------------------------------------------------------
WP_038409211  144  NSSDKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGM-LDTKNTSVDEV--FKQFIQTYNQI--FASDiE  217
EFR95520           ----------------------------------------------------------------
WP_003723650  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDEV--YKQFIETYNQV--FMSNiE  217
WP_003727705  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDEV--YKQFIQTYNQV--FMSNiE  217
WP_003730785  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDEV--YKQFIQTYNQV--FMSNiE  217
WP_003733029  144  DSQKKADLRLVYLALAHIIKYRGHFLIEGA-LDTKNTSIDEM--FKQFLQIYNQV--FANDiE  217
WP_003739838  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDGV--YKQFIQTYNQV--FISNiE  217
```

【数６８】

```
WP_014601172  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDGV--YEQFIQTYNQV--FMSNiE  KVEENIEVA---NI  217
WP_023548323  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDGV--YEQFILTYNQV--FMSNiE  KVEENIEVA---NI  217
WP_031665337  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDGV--YEQFIQTYNQV--FMSNiE  KVEENIEVA---NI  217
WP_031669209  144  DSQKKADLRLVYLALAHIIKYRGHFLIEGA-LDTKNTSIDEM--FKQFLQIYNQV--FANDiE  KTEKNQEVA---QI  217
WP_033920898  144  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDGV--YEQFIQTYNQV--FMSNiE  KVEENIEVA---NI  217
AKI42028      147  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDGV--YEQFIQTYNQV--FMSNiE  KVEENIEVA---NI  220
AKI50529      147  NSSEKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGA-LDTKNTSVDGV--YEQFIQTYNQV--FMSNiE  KVEENIEVA---NI  220
EFR83390           ----------------------------------------------------------     ----------     
WP_046323366  144  NSSDKADLRLVYLALAHIIKYRGNFLIEGK-LDTKNTSVDEV--FKQFIKTYNQV--FASDiE  RIEENNEVA---KI  217
AKE81011      160  DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  227
CUO82355      144  ESTEKADPRLIYLALHHIVKYRGNFLYEGQkFNMDASNIEDK--LSDVFTQFADFnnIPYEdD  --KKNLEIL---EI  214
WP_033162887  145  ENKEKADPRLIYLALHHIVKYRGNFLYEGQsFTMDNSDIEER--LNSAIEKFMSIneFDNRiV  --SDINSMI---AV  215
AGZ01981      177  DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  244
AKA60242      144  DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
AKS40380      144  DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  211
4UN5_B        148  DSTDKADLRLIYLALAHMIKFRGHFLIEGD-LNPDNSDVDKL--FIQLVQTYNQL--FEEN--  INASGVDAK---AI  215
```

【数６９】

```
WP_010922251  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_039695303  213  LTEK-ISKSRRLENLIKY-Y-PT  EKKNTLFGNLIALALGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  278
WP_045635197  212  FTDK-ISKSAKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEDK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  277
5AXW_A        135  LSTK----------EQISRN-S--K  ----------------------LEEKyVa--ELQ----------------  157
WP_009880683       ----------------------  ----------------------  ----------------------
WP_010922251  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_011054416  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_011284745  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_011285506  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_011527619  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_012560673  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_014407541  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_020905136  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_023080005  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_023610282  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_030125963  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_030126706  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_031488318  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKPNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_032460140  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_032461047  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_032462016  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_032462936  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALLLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_032464890  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_033888930   37  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  102
WP_038431314  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_038432938  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-T---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_038434062  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
BAQ51233      123  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  188
KGE60162           ----------------------  ----------------------  ----------------------
KGE60856           ----------------------  ----------------------  ----------------------
WP_002989955  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_003030002  212  LTEK-VSKSRRLENLIAH-Y-PA  EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--QLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEG  277
WP_003065552  215  LTEK-ISKSRRLENLIKY-Y-PT  EKKNTLFGNLIALALGLQPNFKMNF--KLSED-A---KLQ--FSKDSYEEDLGE  280
WP_001040076  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040078  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040080  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040081  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040083  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040085  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
```

【数７０】

```
WP_001040087  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040088  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040089  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040090  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040091  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040092  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040094  213  LTDK-ISKSAKKDRILAR-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040095  213  LTDK-ISKSAKKDRILAR-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040096  213  LTDK-ISKSAKKDRILAR-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040097  213  LTDK-ISKSAKKDRILAR-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040098  213  LTDK-ISKSAKKDRILAR-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040099  213  LTDK-ISKSAKKDRILAR-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040100  213  LTDK-ISKSAKKDRILAR-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040104  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040105  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040106  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040107  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040108  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040109  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_001040110  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_015058523  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_017643650  213  LTDK-ISKSAKKDRILAR-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_017647151  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_017648376  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_017649527  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_017771611  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_017771984  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
CFQ25032      213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
CFV16040      213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
KLJ37842      213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
KLJ72361      213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
KLL20707      213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
KLL42645      213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_047207273  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_047209694  213  LTDK-ISKSAKKDRILAR-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_050198062  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_050201642  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_050204027  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_050881965  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T--PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
```

【数７１】

```
WP_050886065  213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
AHN30376      213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
EAO78426      213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PN  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKYF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
CCW42055      213  LTDK-ISKSAKKDRILAQ-Y-PD  QKSTGIFAEFLKLIVGNQADFKKHF--NLEDK-T---PLQ--FAKDSYDEDLEN  278
WP_003041502  212  LTEK-VSKSRRLENLIAH-Y-PA  EKKNTLFGNLIALFLGLQPNFKTNF--QLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEG  277
WP_037593752  213  LTEK-VSKSSRLENLIAH-Y-PT  EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--QLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  278
WP_049516684  213  LTEK-VSKSRRLENLVEC-Y-PT  EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--QLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEG  278
GAD46167      212  LTEK-VSKSSRLENLIAH-Y-PT  EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--QLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  277
WP_018363470  213  LTEK-ISKSRRLENLINN-Y-PK  EKKNTLFGNLIALALGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  278
WP_003043819  212  LSAR-LSKSKRLEKLIAV-F-PN  EKKNGLFGNIIALALGLTPNFKSNF--DLTED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDE  277
WP_006269658  212  LTEK-VSKSSRLENLIAH-Y-PT  EKKNTLFGNLIALSLDLHPNFKTNF--QLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEG  277
WP_048800889  212  LTEK-VSKSRRLENLVKC-Y-PT  EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--QLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  277
WP_012767106  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_014612333  212  LSAR-LSKSKRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_015017095  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_015057649  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_048327215  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_049519324  212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKRNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_012515931  212  LSAA-LSKSKRLENLISL-I-PG  QKKTGIFGNIIALSLGLTPNFKANF--GLSKD-V---KLQ--LAKDTYADDLDS  277
WP_021320964  212  LSAA-LSKSKRLENLISL-I-PG  QKKTGIFGNIIALSLGLTPNFKANF--GLSKD-V---KLQ--LAKDTYADDLDS  277
WP_037581760  212  LSAA-LSKSKRLENLISL-I-PG  QKKTGIFGNIIALSLGLTPNFKANF--GLSKD-V---KLQ--LAKDTYADDLDS  277
WP_004232481  212  LTEK-ISKSRRLENLIKQ-Y-PT  EKKNTLFGNLVALALGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYDEDLEE  277
WP_009854540  213  LTEK-ISKSRRLENLIKY-Y-PT  EKKNTLFGNLIALALGLQPNFKMNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  278
WP_012962174  213  LTEK-FSKSRRLENLIKH-Y-PT  EKKNTLFGNLVALALGLQPNFKTSF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  278
WP_039695303  213  LTEK-ISKSRRLENLIKY-Y-PT  EKKNTLFGNLIALALGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  278
WP_014334983  212  LTEK-VSKSRRLENLIKQ-Y-PT  EKKNTLFGNLIALALGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  277
WP_003099269  212  LTSK-TSKSRRLENLIAE-I-PN  QKRNMLFGNLVSLALGLTPNFKTNF--ELLED-A---KLQ--ISKDSYEEDLDN  277
AHY15608      212  LTSK-TSKSRRLENLIAE-I-PN  QKRNMLFGNLVSLALGLTPNFKTNF--ELLED-A---KLQ--ISKDSYEEDLDN  277
AHY17476      212  LTSK-TSKSRRLENLIAE-I-PN  QKRNMLFGNLVSLALGLTPNFKTNF--ELLED-A---KLQ--ISKDSYEEDLDN  277
ESR09100      ---  ----------------------  ----------------------------------------------------  ---
AGM98575      212  LTSK-TSKSRRLENLIAE-I-PN  QKRNMLFGNLVSLALGLTPNFKTNF--ELLED-A---KLQ--ISKDSYEEDLDN  277
ALF27331      212  LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN  EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV  277
WP_018372492  210  FTEN-SSKAKRVETILGL-F-PD  ETAAGNLDKFLKLMLGNQADFKKVF--DLEEK-----ITLQ--FSKDSYEEDLEL  275
WP_045618028  213  FTDK-ISKSAKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  278
WP_045635197  212  FTDK-ISKSAKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEDK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  277
WP_002263549  212  LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN  EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV  277
WP_002263887  212  LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN  EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV  277
WP_002264920  212  LTEK-ISKSRRLEKLINN-Y-PK  EKKNTLFRNLVALSLGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE  277
WP_002269043  212  LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN  EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDIYEEELEV  277
```

【数７２】

```
WP_002269448 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002271977 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEDLEE 277
WP_002272766 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEDLEE 277
WP_002273241 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002275430 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002276448 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002277050 212 LTEK-ISKSRRLEKLINN-Y-PK EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE 277
WP_002277364 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002279025 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002279859 212 LTEK-ISKSRRLEKLINN-Y-PK EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002280230 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002281696 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002282247 212 LTEK-ISKSRRLEKLINN-Y-PK EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE 277
WP_002282906 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002283846 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDIYEEELEV 277
WP_002287255 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002288990 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDIYEEELEV 277
WP_002289641 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGCFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002290427 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDIYEEELEV 277
WP_002295753 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002296423 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDIYEEELEV 277
WP_002304487 212 LTEK-VSKSRRLENLVEC-Y-PT EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--QLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEG 277
WP_002305844 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_002307203 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--LSKDTYEEELEV 277
WP_002310390 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDIYEEELEV 277
WP_002352408 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDIYEEELEV 277
WP_012997688 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_014677909 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDIYEEELEV 277
WP_019312892 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIIGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_019313659 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--LSKDTYEEELEV 277
WP_019314093 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_019315370 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-V---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_019803776 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDIYEEELEV 277
WP_019805234 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_024783594 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_024784288 212 LTEK-ISKSRRLEKLINN-Y-PK EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE 277
WP_024784666 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_024784894 212 LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV 277
WP_024786433 212 LTEK-ISKSRRLEKLINN-Y-PK EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--KLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEE 277
```

【数７３】

```
WP_049473442  212  LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN  EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEDLEE  277
WP_049474547  212  LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN  EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV  277
EMC03581      205  LTDK-ISKSAKKDRVLKL-F-PN  EKSNGRFAEFLKLIVGNQADFKKHF--ELEEK-A---PLQ--FSKDTYEEELEV  270
WP_000428612  213  FTDK-ISKSAKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---PLQ--FSRDTYDEDLEN  278
WP_000428613  213  FTDK-ISKSAKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLGEK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  278
WP_049523028  212  FTDK-ISKSAKRDRVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---PLQ--FSKDTYEEDLES  277
WP_003107102  181  LTEK-MSKSRRLENLIAK-I-PN  QKKNTLFGNLISLSLGLTPNFKANF--ELSED-A---KLQ--ISKESFEEDLDN  246
WP_054279288  214  LTEK-ISKTRRLENLISN-I-PG  QKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSHF--NLPED-A---KLQ--LAKDTYDEELNN  279
WP_049531101  213  FTDK-ISKSTKRERVLKL-F-PD  QKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  278
WP_049538452  213  FSDK-ISKSAKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  278
WP_049549711  213  FTDK-ISKSAKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLGEK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  278
WP_007896501  214  LTAK-TSKSKRLESLISE-F-PG  QKKNGLFGNLIALALGLRPNFKSNF--GLSED-A---KLQ--ITKDTYEEELDN  279
EFR44625      166  LTAK-TSKSKRLESLISE-F-PG  QKKNGLFGNLIALALGLRPNFKSNF--GLSED-A---KLQ--ITKDTYEEELDN  231
WP_002897477  212  FTDK-ISKSAKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  277
WP_002906454  212  FTDK-ISKSTKRERVLKL-F-SD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  277
WP_009729476  213  FTDK-ISKSAKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---PLQ--FSRDTYDEDLEN  278
CQR24647      212  ITAK-ISKSRKVEAVLEQ-F-PD  QKKNSFFGNMVSLVFGLMPNFKSNF--ELDED-A---KLQ--FSRDSYDEDLEN  277
WP_000066813  213  FTDK-ISKSTKRERVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---PLQ--FSKDTYDEDLEN  278
WP_009754323  213  FTGK-ISKSVKREHVLKL-F-PD  EKSTGLFSEFLKLIVGNQADFKKHF--DLEEK-A---SLQ--FSKDTYDEDLEN  278
WP_044674937  212  LVEK-VSKSRRLENILHY-F-PN  EKKNGLFGNFLALALGLQPNFKTNF--ELAED-A---KIQ--FSKETYEEDLEE  277
WP_044676715  212  LVEK-VSKSRRLENILHY-F-PN  EKKNGLFGNFLTLALGLQPNFKTNF--ELAED-A---KIQ--FSKETYEEDLEE  277
WP_044680361  212  LVEK-VSKSRRLENILHY-F-PN  EKKNGLFGNFLALALGLQPNFKTNF--ELAED-A---KIQ--FSKETYEEDLEE  277
WP_044681799  212  LVEK-VSKSRRLENILHY-F-PN  EKKNGLFGNFLALALGLQPNFKTNF--ELAED-A---KIQ--FSKETYEEDLEE  277
WP_049533112  212  LTEK-VSKSRRLENLIAH-Y-PA  EKKNTLFGNLIALSLGLQPNFKTNF--QLSED-A---KLQ--FSKDTYEEDLEG  277
WP_029090905  172  LLDRmMNRSSKVKFLIEL---TG  KQDKPLLKELFNLIVGLKAKPASIFe---QENlAtivETM-nMSTEQVQLDLLT  243
WP_006506696  211  LKKP-LSKKAKVDEVMTL-IaPE  KDYKSAFKELVTGIAGNKMNVTKMIlcEPIKQ-Gds-EIKlkFSDSNYDDQFSE  283
AIT42264      212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_034440723  218  FKQD-ISRSKKLDQAIAL-F-QG  -KRQSLFGIFLTLIVGNKANFQKIF--NLEDD----iKLD--LKEEDYDENLEE  283
AKQ21048      212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
WP_004636532  211  LSSK-QSRSRKHEQIMAL-F-PN  ENKLGNFGRFMMLIVGNTSNFKPVF--DLDDE-Y---KLK--LSDETYEEDLDT  276
WP_002364836  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_016631044  169  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  234
EMS75795      1    ----------------------  ----------------------MDEE-A---KIQ--LSKESYEEELES  20
WP_002373311  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_002378009  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_002407324  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_002413717  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_010775580  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KIKitYASESYEEDLEG  285
WP_010818269  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
```

【数７４】

```
WP_010824395  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_016622645  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_033624816  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_033625576  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_033789179  218  LTEK-ASRTKKSEKVLQQ-F-PQ  EKANGLFGQFLKLMVGNKADFKKVF--GLEEE-A---KI--tYASESYEEDLEG  283
WP_002310644  217  FTEK-MSKTKKAETLLKY-F-PH  EKSNGYLSQFIKLMVGNQGNFKNVF--GL-EE-A---KLQ--FSKETYEEDLEE  281
WP_002312694  217  FTEK-MSKTKKAETLLKY-F-PH  EKSNGYLSQFIKLMVGNQGNFKNVF--GL-EEeA---KLQ--FSKETYEEDLEE  282
WP_002314015  217  FTEK-MSKTKKAETLLKY-F-PH  EKSNGYLSQFIKLMVGNQGNFKNVF--GL-EEeA---KLQ--FSKETYEEDLEE  282
WP_002320716  217  FTEK-MSKTKKAETLLKY-F-PH  EKSNGYLSQFIKLMVGNQGNFKNVF--GL-EEeA---KLQ--FSKETYEEDLEE  282
WP_002330729  217  FTEK-MSKTKKAETLLKY-F-PH  EKSNGYLSQFIKLMVGNQGNFKNVF--GL-EE-A---KLQ--FSKETYEEDLEE  281
WP_002335161  217  FTEK-MSKTKKAETLLKY-F-PH  EKSNGYLSQFIKLMVGNQGNFKNVF--GL-EEeA---KLQ--FSKETYEEDLEE  282
WP_002345439  217  FTEK-MSKTKKAETLLKY-F-PH  EKSNGYLSQFIKLMVGNQGNFKNVF--GL-EEeA---KLQ--FSKETYEEDLEE  282
WP_034867970  210  LTDK-LSKTKKVEEILKY-Y-PT  EKINSFFAQCLKLIVGNQANFKRIF--DLEAE-V---KLQ--FSKETYEEDLES  275
WP_047937432  217  FTEK-MSKTKKAETLLKY-F-PH  EKSNGYLSQFIKLMVGNQGNFKNVF--GL-EEeA---KLQ--FSKETYEEDLEE  282
WP_010720994  210  LTDK-LSKTKKVEEILKY-Y-PT  EKINSFFAQCLKLIVGNQANFKRIF--DLEAE-V---KLQ--FSKETYEEDLES  275
WP_010737004  210  LTDK-LSKTKKVEEILKY-Y-PT  EKINSFFAQCLKLIVGNQANFKRIF--DLEAE-V---KLQ--FSKETYEEDLES  275
WP_034700478  210  LTDK-LSKTKKVEEILKY-Y-PT  EKINSFFAQCLKLIVGNQANFKRIF--DLEAE-V---KLQ--FSKETYEEDLES  275
WP_007209003  215  LTQQ-LSKSERADNVLKL-F-PD  EKGTGIFAQFIKLIVGNQGNFKKVF--QLEED----qKLQ--LSTDDYEENIEN  280
WP_023519017  210  LTER-LSKAKRVEKVLAY-Y-PS  EKSTGNFAQFLKLMVGNQANFKKTF--DLEEE-M---KLN--FTRDCYEEDLNE  275
WP_010770040  213  FSEK-VSRARKVEAILSV-Y-SE  EKSTGTLAQFLKLMVGNQGRFKKTF--DLEED-G---IIQ--IPKEEYEEELET  278
WP_048604708  209  FADK-VSRAKKAEGVLAL-F-PD  EKRNGTFDQFLKMIVGNQGNFKKTF--ELEED-A---KLQ--FSKEEYDESLEA  274
WP_010750235  210  LTDK-LSKSKKVEKILQY-Y-PK  EKTTGCLAQFLKLIVGNQGNFKQAF--HLDEE-V---KIQ--ISKETYEEDLEK  275
AII16583      251  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  316
WP_029073316  216  LKEP-LSKKHKADKAFAL-FdTT  KDNKAAYKELCAALAGNKFNVTKMLkeAELHD-EdekDISfkFSDATFDDAFVE  289
WP_031589969  216  LKEP-LSKKHKAEKAFAL-FdTT  KDNKAAYKELCAALAGNKFNVTKMLkeAELHD-EdekDISfkFSDATFDDAFVE  289
KDA45870      210  FKDNtFSKTKKSEELLKL---SG  -KKNQLAHQLFKMMVGNMGSFKKVL--GTDEE----hKLS--FGKDTYEDDLND  275
WP_039099354  207  LLDNhQSASNRQRQALLLiYtPS  KQNKAIATELLKAILGLKAKFNVLT--GIEAEdVktwTLT--FNAENFDEEMVK  285
AKP02966      209  LIGR-GNATQKSSNILNN-F--T  KETKKLLKEVINLILGNVAHLNTIFktSLTKDeE---KLS--FSGKDIESKLDD  278
WP_010991369  218  LVEK-VTRKEKLERILKL-Y-PG  EKSAGMFAQFISLIVGSKGNFQKPF--DLIEK-S---DIE--CAKDSYEEDLES  283
WP_033838504  218  LVEK-VTRKEKLERILKL-Y-PG  EKSAGMFAQFISLIVGSKGNFQKPF--DLIEK-S---DIE--CAKDSYEEDLES  283
EHN60060      221  LVEK-VTRKEKLERILKL-Y-PG  EKSAGMFAQFISLIVGSKGNFQKPF--DLIEK-S---DIE--CAKDSYEEDLES  286
EFR89594      1    ----------------LKL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGSKGNFQKPF--DLIEK-S---DIE--CAKDSYEEDLES  52
WP_038409211  218  LSEK-LTRREKLDKILKL-Y-TG  EKSTGMFARFINLIIGSKGDFKKVF--DLDEK-A---EIE--CAKDTYEEDLEA  283
EFR95520      ---  ----------------------  ----------------------------------------------------  ---
WP_003723650  218  LAGK-FTRREKFERILQL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGSKGNFQKVF--DLIEK-T---DIE--CAKDSYEEDLET  283
WP_003727705  218  LAGK-FTRREKFERILRL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGNKGNFQKVF--NLVEK-T---DIE--CAKDSYEEDLEA  283
WP_003730785  218  LAGK-FTRREKFERILRL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGNKGNFQKVF--NLVEK-T---DIE--CAKDSYEEDLEA  283
WP_003733029  218  LAEK-FTRKDKLDKILSL-Y-PG  EKTTGVFAQFVNIIVGSTGKFKKHF--NLHEK-K---DIN--CAEDTYDTDLES  283
WP_003739838  218  LAGK-FTRKEKLERILQL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGSKGNFQKVF--DLVEK-T---DIE--CAKDSYEEDLEA  283
```

【数７５】

```
WP_014601172  218  LAGK-FTRREKFERILQL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGSKGNFQKVF--DLIEK-T---DIE--CAKDSYEEDLEA  283
WP_023548323  218  LAGK-FTRREKFERILQL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGSKGNFQKVF--DLIEK-T---DIE--CAKDSYEEDLET  283
WP_031665337  218  LAGK-FTRREKFERILQL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGSKGNFQKVF--DLIEK-T---DIE--CAKDSYEEDLET  283
WP_031669209  218  LAEK-FTRKDKLDKILSL-Y-PG  EKTTGVFAQFVNIIVGSTGKFKKHF--NLHEK-K---DIN--CAEDTYDTDLES  283
WP_033920898  218  LARK-FTRREKFERILQL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGSKGNFQKVF--DLIEK-T---DIE--CAKDSYEEDLET  283
AKI42028      221  LAGK-FTRREKFERILQL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGSKGNFQKVF--DLIEK-T---DIE--CAKDSYEEDLEA  286
AKI50529      221  LARK-FTRREKFERILQL-Y-PG  EKSTGMFAQFISLIVGSKGNFQKVF--DLIEK-T---DIE--CAKDSYEEDLET  286
EFR83390           ----------------------  ----------------------------------------------------
WP_046323366  218  FSEK-LTKREKLDKILNL-Y-PN  EKSTDLFAQFISLIIGSKGNFKKFF--NLTEK-T---DIE--CAKDSYEEDLEV  283
AKE81011      228  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  293
CUO82355      215  LKKP-LSKKAKVDEVMAL-IsPE  KEFKSAYKELVTGIAGNKMNVTKMIlcESIKQ-Gds-EIKlkFSDSNYDDQFSE  287
WP_033162887  216  LSKI-YQRSKKADDLLKI-MnPT  KEEKAAYKEFTKALVGLKFNISKMIlaQEVKK-Gdt-DIVleFSNANYDSTIDE  288
AGZ01981      245  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  310
AKA60242      212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
AKS40380      212  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  277
4UN5_B        216  LSAR-LSKSRRLENLIAQ-L-PG  EKKNGLFGNLIALSLGLTPNFKSNF--DLAED-A---KLQ--LSKDTYDDDLDN  281
```

【数７６】

```
WP_010922251  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_039695303  279  LLGKIGDDYADLFTSAKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMIKRYVEHHEDLEKLKEFIKAN-KSELYHDIFKDKNK  357
WP_045635197  278  LLGQIGDDFTDLFVSAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYENHQNDLAALKQFIKNN-LPEKYDEVFSDQSK  356
5AXW_A        158  ------------------------------------------------LERLKKDG-------EVR-----  168
WP_009880683    1  ----------------------------LSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  40
WP_010922251  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_011054416  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDATLLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_011284745  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRLNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_011285506  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_011527619  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRLNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_012560673  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_014407541  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_020905136  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRLNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_023080005  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_023610282  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_030125963  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKASLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_030126706  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDATLLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_031488318  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_032460140  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_032461047  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_032462016  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_032462936  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_032464890  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRLNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_033888930  103  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  181
WP_038431314  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDATLLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_038432938  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_038434062  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
BAQ51233      189  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  267
KGE60162           ----------------------------------------------------------------------------
KGE60856           ----------------------------------------------------------------------------
WP_002989955  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRLNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_003030002  278  LLGEIGDEYADLFASAKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMVKRYEEHQKDLKKLKDFIKVN-APDQYNAIFKDKNK  356
WP_003065552  281  LLGKIGDDYADLFTSAKNLYDAILLSGILIVDDNSTKAPLSASMIKRYVEHQEDLEKLKEFIKAN-KSELYHDIFKDKNK  359
WP_001040076  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIVADSSK  357
WP_001040078  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040080  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040081  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040083  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040085  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
```

【数７７】

```
WP_001040087  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040088  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040089  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040090  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040091  279  LLRQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040092  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSAYMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040094  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQHYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040095  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040096  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040097  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040098  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040099  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040100  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040104  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040105  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_001040106  279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_001040107  279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_001040108  279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_001040109  279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_001040110  279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_015058523  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_017643650  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_017647151  279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_017648376  279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_017649527  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_017771611  279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTALSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_017771984  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
CFQ25032      279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKASLSDSMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
CFV16040      279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
KLJ37842      279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
KLJ72361      279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
KLL20707      279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
KLL42645      279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_047207273  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_047209694  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_050198062  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_050201642  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_050204027  279  LLGQIGDEFADLFSVAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFTDSSK  357
WP_050881965  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
```

【数７８】

```
WP_050886065  279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
AHN30376      279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
EAO78426      279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVIDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
CCW42055      279  LLGQIGDEFADLFSAAKKLYDSVLLSGILTVTDLSTKAPLSASMIQRYDEHREDLKQLKQFVKAS-LPEKYQEIFADSSK  357
WP_003041502  278  LLGEVGDEYADLFASAKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMVKRYEEHQKDLKKKFEDFIKVN-ALDQYNAIFKDKNK  356
WP_037593752  279  LLGEIGDEYADLFASAKNLYDAILLSGILAVDDNTTKAPLSASMVKRYEEHQKDLKKKLKDFIKVN-APDQYNAIFKDKNK  357
WP_049516684  279  LLGEIGDEYADLFASAKNLYDAILLSGILAVDDNTTKAPLSASMVKRYEEHQKDLKKKLKDFIKVN-APAQYDDIFKDETK  357
GAD46167      278  LLGEIGDEYADLFASAKNLYDAILLSGILAVDDNTTKAPLSASMVKRYEEHQKDLKKKLKDFIKVN-APDQYNAIFKDKNK  356
WP_018363470  279  LLGKIGDDYADLFTSSKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMIKRYVEHHEDLEKLKEFIKAN-KSELYHDIFKDKTQ  357
WP_003043819  278  LLGQIGDQYADLFSAAKNLSDAILLSDILLRSNSEVTKAPLSASMVKRYDEHHQDLALLKTLVRQQ-FPEKYAEIFKDDTK  356
WP_006269658  278  FLGEVGDEYADLFASAKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMVKRYEEHQKDLKKLKDFIKVN-APDQYNAIFKDKNK  356
WP_048800889  278  LLGKIGDDYADLFTSAKNLYDTILLSGILAVDDNSTKALLSASMIKRYEEHQKDLKKLKDFIKVN-APAQYDDIFKDETK  356
WP_012767106  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_014612333  278  LLAQIGNQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_015017095  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_015057649  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_048327215  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_049519324  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNSEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_012515931  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILTESDEITRAPLSASMVKRYREHHKDLVTLKTLIKDQ-LPEKYQEIFLDKTK  356
WP_021320964  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILTESDEITRAPLSASMVKRYREHHKDLVTLKTLIKDQ-LPEKYQEIFLDKTK  356
WP_037581760  278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILTESDEITRAPLSASMVKRYREHHKDLVTLKTLIKDQ-LPEKYQEIFLDKTK  356
WP_004232481  278  LLGKIGDDYADLFTAAKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMIKRYEEHHEDLEKLKTFIKVN-NFDKYHEIFKDKSK  356
WP_009854540  279  LLGKIGDDYADLFTSAKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMIKRYVEHHEDLEKLKEFIKAN-KSELYHDIFKDKNK  357
WP_012962174  279  LIGKIGDEYADLFTSAKNLYDAILLSGILTVADNTTKAPLSASMIKRYNEHQVDLKKLKEFIKNN-ASDKYDEIFNDKDK  357
WP_039695303  279  LLGKIGDDYADLFTSAKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMIKRYVEHHEDLEKLKEFIKAN-KSELYHDIFKDKNK  357
WP_014334983  278  LLGKVGDDYADLFISAKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMIKRYVEHHEDLEKLKEFIKIN-KLKLYHDIFKDKTK  356
WP_003099269  278  LLAQIGDQYADLFIAAKKLSDAILLSDIITVKGASTKAPLSASMVQRYEEHQQDLALLKNLVKKQ-IPEKYKEIFDNKEK  356
AHY15608      278  LLAQIGDQYADLFIAAKKLSDAILLSDIITVKGASTKAPLSASMVQRYEEHQQDLALLKNLVKKQ-TPEKYKEIFDNKEK  356
AHY17476      278  LLAQIGDQYADLFIAAKKLSDAILLSDIITVKGASTKAPLSASMVQRYEEHQQDLALLKNLVKKQ-TPEKYKEIFDNKEK  356
ESR09100      ---  ----------------------------------------------------------------------------  ---
AGM98575      278  LLAQIGDQYADLFIAAKKLSDAILLSDIITVKGASTKAPLSASMVQRYEEHQQDLALLKNLVKKQ-IPEKYKEIFDNKEK  356
ALF27331      278  LLAQIEDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK  356
WP_018372492  276  LLSKIDEEYAALFDLAKKVYDAVLLSNILTVKEKNTKAPLSASMIKRYEEHKDDLKAAFKRFFRER-LPEKYETMFKDLTK  354
WP_045618028  279  LLVQIGDDFADLFLVAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIDRYENHQKDLAAALKQFIKTN-LPEKYDEVFSDQSK  357
WP_045635197  278  LLGQIGDDFTDLFVSAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYENHQNDLAALKQFIKNN-LPEKYDEVFSDQSK  356
WP_002263549  278  LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVGTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK  356
WP_002263887  278  LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVGTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK  356
WP_002264920  278  LLGKIGDDYADLFTLAKNLYDAILLSGILTADDSSTKAPLSASMIKRYAEHHEDLEKLKEFIKAN-KPELYHDIFKDETK  356
WP_002269043  278  LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK  356
```

【数７９】

WP_002269448	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002271977	278	LLGKIGDDYADLFTLAKNLYDAILLSGILTADDSSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002272766	278	LLGKIGDDYADLFTLAKNLYDAILLSGILTADDSSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002273241	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002275430	278	LLTQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002276448	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002277050	278	LLGKIGDDYADLFTLAKNLYDAILLSGILTADDSSTKAPLSASMIKRYAEHHEDLEKLKEFIKAN-KPELYHDIFKDETK	356
WP_002277364	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002279025	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTADDSSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002279859	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002280230	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002281696	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002282247	278	LLGKIGDDYADLFTLAKNLYDAILLSGILTADDSSTKAPLSASMIKRYAEHHEDLEKLKEFIKAN-KPELYHDIFKDETK	356
WP_002282906	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVGTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002283846	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002287255	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002288990	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002289641	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLTQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002290427	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002295753	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002296423	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002304487	278	LLGEIGDEYADLFASAKNLYDAILLSGILAVDDNTTKAPLSASMVKRYKEHKEELAAFKRFIKEK-LPKKYEEIFKDDTK	356
WP_002305844	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002307203	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002310390	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_002352408	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_012997688	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_014677909	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_019312892	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_019313659	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVGTQAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_019314093	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_019315370	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLTQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_019803776	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVGTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_019805234	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_024783594	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVGTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_024784288	278	LLGKIGDDYADLFTLAKNLYDAILLSGILTADDSSTKAPLSASMIKRYAEHHEDLEKLKEFIKAN-KPELYHDIFKDETK	356
WP_024784666	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLVQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_024784894	278	LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLTQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK	356
WP_024786433	278	LLGKIGDDYADLFTLAKNLYDAILLSGILTADDSSTKAPLSASMIKRYAEHHEDLEKLKEFIKAN-KPELYHDIFKDETK	356

【数８０】

```
WP_049473442  278  LLGKIGDDYADLFTLAKNLYDAILLSGILTADDSSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK  356
WP_049474547  278  LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLTQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK  356
EMC03581      271  LLAQIGDNYAELFLSAKKLYDSILLSGILTVTDVSTKAPLSASMIQRYNEHQMDLAQLKQFIRQK-LSDKYNEVFSDVSK  349
WP_000428612  279  LLGQIGDDFADLFVAAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYENHQKDLATLKQFIKTN-LPEKYDEVFSDQSK  357
WP_000428613  279  LLGQIGDDFADLFLVAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYENHQKDLAVLKQFIKNN-LPEKYDEVFSDQSK  357
WP_049523028  278  LLGQIGDVYADLFVVAKKLYDAILLAGILSVKDPGTKAPLSASMIERYDNHQNDLSALKQFVRRN-LPEKYAEVFSDDSK  356
WP_003107102  247  LLAQIGDQYADLFIAAKNLSDAILLSDILTVKGVNTKAPLSASMVQRFNEHQDDLKLLKKLKLVKVQ-LPEKYKEIFDIKDK  325
WP_054279288  280  LLTQIGDEYADLFLSAKNLSDAILLSDILTVNGDGTQAPLSASLIKRYEEHRQDLALLKQMFKEQ-LPDLYRDVFTDENK  358
WP_049531101  279  LLGQIGDDFADLFLVAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYENHQKDLAALKQFIKNN-LPEKYDEVFSDQSK  357
WP_049538452  279  LLGQIGDGFADLFLVAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYQNHQNDLASLKQFIKNN-LPEKYDEVFSDQSK  357
WP_049549711  279  LLGQIGDDFADLFLVAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYENHQKDLTTLKQFIKNN-LPEKYDEVFSDQSK  357
WP_007896501  280  LLAEIGDHYADLFLAAKNLSDAILLSDILTLSDENTRAPLSASMIKRYEEHQEDLALLKKLVKEQ-MPEKYWEIFSNAKK  358
EFR44625      232  LLAEIGDHYADLFLAAKNLSDAILLSDILTLSDENTRAPLSASMIKRYEEHQEDLALLKKLVKEQ-MPEKYWEIFSNAKK  310
WP_002897477  278  LLGQIGDDFADLFLIAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYENHQKDLAALKQFIKNN-LPEKYVEVFSDQSK  356
WP_002906454  278  LLGQIGDGFADLFLVAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYENHQEDLAALKQFIKNN-LSEKYAEVFSDQSK  356
WP_009729476  279  LLGQIGDDFADLFLVAKKLYDAILLSGILTVTNPSTKAPLSASMIERYENHQKDLASLKQFIKNN-LPEKYDEVFSDQSE  357
CQR24647      278  LLGIIGDEYADVFVAAKKVYDSILLSGILTTNNHSTKAPLSASMIDRYDEHNSDKKLLRDFIRTNiGKEVFKEVFYDTSK  357
WP_000066813  279  LLGQIGDDFADLFLVAKKLYDAILLSGILTVKDLSTKAPLSASMIERYENHQKDLAALKQFIQNN-LQEKYDEVFSDQSK  357
WP_009754323  279  LLGQIGDDFADLFLVAKKLYDAILLSGILTVTDPSTKAPLSASMIERYENHQEDLAALKQFIKNN-LPEKYAEVFSDQSK  357
WP_044674937  278  LLGKIGDDYADLFIATKSLYDGILLAGILSTTDSTTKAPLSSSMVNRYEEHKKDLALLKNFIHQN-LSDSYKEVFNDKLK  356
WP_044676715  278  LLGKIGDDYADLFIATKSLYDGILLAGILSTTDSTTKAPLSSSMVNRYEEHQKDLALLKNFIHQN-LSDSYKEVFNDKLK  356
WP_044680361  278  LLGKIGDDYADLFIATKSLYDGILLAGILSTTDSTTKAPLSSSMVNRYEEHQKDLALLKNFIHQN-LSDSYKEVFNDKLK  356
WP_044681799  278  LLGKIGDDYADLFIATKSLYDGILLAGILSTTDSTTKAPLSSSMVNRYEEHKKDLALLKNFIHQN-LSDSYKEVFNDKLK  356
WP_049533112  278  LLGEIGDEYADLFASAKNLYDAILLSGILTVDDNSTKAPLSASMVKRYEEHQKDLKKLKDFIKVN-APDQYNAIFKDKNK  356
WP_029090905  244  LADVLADEEYDLLLTAQKIYSAIILDESMDGYEYFA-----EAKKESYRKHQEELVLVKKMLKSNaITNDERAKF---EY  315
WP_006506696  284  VEKDLGE-YVEFVDALHNVYSWVELQTIMGATHTD-NASISEAMVSRYNKHHDDLKLLKDCIKNN-VPNKYFDMFRNDSE  360
AIT42264      278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_034440723  284  LLSNIDEGYRDVFLQAKNVYNAIELSKILKTDGKETKAPLSAQMVELYNQHREDLKKYKDYIKAY-LPEKYGETFKDATK  362
AKQ21048      278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
WP_004636532  277  LLGMTDDVFLDVFMAAKNVYDAVEMSAIISTDTGNSKAVLSNQMINFYDEHKVDLAQLKQFFKTH-LPDKYYECFSDPSK  355
WP_002364836  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKKFKRFIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_016631044  235  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKKFKRFIREN-CPDEYDNLFKNEQK  313
EMS75795      21   LLEKSGEEFRDVFLQAKKVYDAILLSDILSTKKQNSKAKLSLGMIERYDSHKKDLEELKQFVKAN-LPEKTAIFFKDSSK  99
WP_002373311  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKKFKRFIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_002378009  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKNFKRFIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_002407324  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKNFKRFIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_002413717  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKKFKRFIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_010775580  286  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKNFKRFIREN-CPDEYDNLFKNEQK  364
WP_010818269  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKKFKRFIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
```

【数８１】

```
WP_010824395  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKNFKRFTIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_016622645  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSYAKLSSSMIVRFTEHQEDLKKFKRFTIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_033624816  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKNFKRFTIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_033625576  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKKFKRFTIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_033789179  284  ILAKVGDEYSDVFLAAKNVYDAVELSTILADSDKKSHAKLSSSMIVRFTEHQEDLKNFKRFTIREN-CPDEYDNLFKNEQK  362
WP_002310644  282  LLEKIGDDYIDLFVQAKNVYDAVLLSEILSDSTKNTRAKLSAGMIRRYDAHKEDLVLLKRFVKEN-LPKKYRAFFGDNSV  360
WP_002312694  283  LLEKIGDDYIDLFVQAKNVYDAVLLSEILSDSTKNTRAKLSAGMIRRYDAHKEDLVLLKRFVKEN-LPKKYRAFFGDNSV  361
WP_002314015  283  LLEKIGDDYIDLFVQAKNVYDAVLLSEILSDSTKNTRAKLSAGMIRRYDAHKEDLVLLKRFVKEN-LPKKYRAFFGDNSV  361
WP_002320716  283  LLEKIGDDYIDLFVQAKNVYDAVLLSEILSDSTKNTRAKLSAGMIRRYDAHKEDLVLLKRFVKEN-LPKKYRAFFGDNSV  361
WP_002330729  282  LLEKIGDDYIDLFVQAKNVYDAVLLSEILSDSTKNTRAKLSAGMIRRYDAHKEDLVLLKRFVKEN-LPKKYRAFFGDNSV  360
WP_002335161  283  LLEKIGDDYIDLFVQAKNVYDAVLLSEILSDSTKNTRAKLSAGMIRRYDAHKEDLVLLKRFVKEN-LPKKYRAFFGDNSV  361
WP_002345439  283  LLEKIGDDYIDLFVQAKNVYDAVLLSEILSDSTKNTRAKLSAGMIRRYDAHKEDLVLLKRFVKEN-LPKKYRAFFGDNSV  361
WP_034867970  276  LLEKIGDEYLDIFLQAKKVHDAILLSEIISSTVKHTKAKLSSGMVERYERHKADLAKFKQFVKEN-VPQKATVFFKDTTK  354
WP_047937432  283  LLEKIGDDYIDLFVQAKNVYDAVLLSEILSDSTKNTRAKLSAGMIRRYDAHKEDLVLLKRFVKEN-LPKKYRAFFGDNSV  361
WP_010720994  276  LLEKIGDEYLDIFLQAKKVHDAILLSEIISSTVKHTQAKLSSGMVERYERHKADLAKFKQFVKEN-VPQKATVFFKDTTK  354
WP_010737004  276  LLEKIGDEYLDIFLQAKKVHDAILLSEIISSTVKHTKAKLSSGMVERYERHKADLAKFKQFVKEN-VPQKATVFFKDTTK  354
WP_034700478  276  LLEKIGDEYLDIFLQAKKVHDAILLSEIISSTVKHTQAKLSSGMVERYERHKADLAKFKQFVKEN-VPQKATVFFKDTTK  354
WP_007209003  281  LLAIIGDEYGDIFVAAQNLYQAILLAGILTSTEK-TRAKLSASMIQRYEEHAKDLKLLKRFVKEH-IPDKYAELFNDATK  358
WP_023519017  276  LLEKTSDDYAELFLKAKGVYDAILLSQILSKSDDETKAKLSANMKLRFEEHQRDLKQLKELVRRD-LPKKYDDFFKNRSK  354
WP_010770040  279  LLAIIGDEYAEIFSATKSVYDAVALSGILSVTDGDTKAKLSASMVERYEAHQKDLVQFKQFIRKE-LPEMYAPIFRDNSV  357
WP_048604708  275  LLGEIGDEYADVFEAAKNVYNAVELSGILTVTDNSTKAKLSASMIKRYEDHKTDLKLFKEFIRKN-LPEKYHEIFNDKNT  353
WP_010750235  276  LLRKSNEEMIDVFLQVKKVYDAILLSDILSTKMKDTKAKLSAGMIERYQNHKKDLEELKQFVRAH-LHEKVTVFFKDSSK  354
AII16583      317  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  395
WP_029073316  290  KQPLLGD-CVEFIDLLHDIYSWVELQNILGSAHTS-EPSISAAMIQRYEDHKNDLKLLKDVIRKY-LPKKYFEVFRDEKS  366
WP_031589969  290  KQPLLGD-CVEFIDLLHDIYSWVELQNILGSAHTS-EPSISAAMIQRYEDHKNDLKLLKDVIRKY-LPKKYFEVFRDEKS  366
KDA45870      276  LLAEAGDQYLDIFVAAKKVYDAAILASILDVKDTQTKTVFSQAMIERYEEHQKDLIELKRVFKKY-LPEKCHDFFSE-PK  353
WP_039099354  286  LESSLDDNAHQIIESLQELYSGVLLAGIVPENQSLS----QAMITKYDDHQKHLKMLKAVREAL-APEDRQRLKQAYDQ  359
AKP02966      279  LDSILDDDQFTVLDTANRIYISTITTLNEIL----NGESYFSMAKVNQYENHAIDLCKLRDMWHTT----KNEKAV-GLSR  348
WP_010991369  284  LLALIGDEYAELFVAAKNAYSAVVLSSIITVAETETNAKLSASMIERFDTHEEDLGELKAFIKLH-LPKHYEEIFSNTEK  362
WP_033838504  284  LLALIGDEYAELFVAAKNAYSAVVLSSIITVAETETNAKLSASMIERFDTHEEDLGELKAFIKLH-LPKHYEEIFSNTEK  362
EHN60060      287  LLALIGDEYAELFVAAKNAYSAVVLSSIITVAETETNAKLSASMIERFDTHEEDLGELKAFIKLH-LPKHYEEIFSNTEK  365
EFR89594      53   LLALIGDEYAELFVAAKNAYSAVVLSSIITVAETETNAKLSASMIERFDTHEEDLGELKAFIKLH-LPKHYEEIFSNTEK  131
WP_038409211  284  LLAKIGDEYAEIFVAAKSTYNAVVLSNIITVTDTETKAKLSASMIERFDKHAKDLKRLKAFFKMQ-LPEKFNEVFNDIEK  362
EFR95520      ---  ----------------------------------------------------------------------------  ---
WP_003723650  284  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVTDTETNAKLSASMIERFDAHEKDLVELKAFIKLN-LPKQYEEIFSNAAI  362
WP_003727705  284  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVTATETNAKLSASMIERFDAHEKELGELKAFIKLH-LPKQYQEIFNNAEI  362
WP_003730785  284  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVTATETNAKLSASMIERFDAHEKELGELKAFIKLH-LPKQYQEIFNNAEI  362
WP_003733029  284  LLAIIGDEFAEVFVAAKNAYNAVVLSNIITVTDSTTRAKLSASLIERFENHKEDLKKMKRFVRTY-LPEKYDEIFDDTEK  362
WP_003739838  284  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVTDTETNAKLSASMIERFDAHEKDLSELKAFIKLH-LPKQYEEIFSNVAI  362
```

【数８２】

```
WP_014601172  284  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVTATETNAKLSASMIERFDAHEKDLGELKAFIKLH-LPKQYQEIFNNAAI  362
WP_023548323  284  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVTDTETNAKLSASMIERFDAHEKDLVELKAFIKLN-LPKQYEEIFSNAAI  362
WP_031665337  284  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVNDTETNAKLSASMIERFDAHEKDLVELKAFIKLN-LPKQYEEIFSNAAI  362
WP_031669209  284  LLAIIGDEFAEVFVAAKNAYNAVVLSNIITVTDSTTPAKLSASLIERFENHKEDLKKMKRFVRTY-LPEKYDEIFDDTEK  362
WP_033920898  284  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVTDTETNAKLSASMIERFDAHEKDLVELKAFIKLN-LPKQYEEIFSNAAI  362
AKI42028      287  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVTATETNAKLSASMIERFDAHEKDLGELKAFIKLH-LPKQYQEIFNNAAI  365
AKI50529      287  LLAIIGDEYAELFVAAKNTYNAVVLSSIITVTDTETNAKLSASMIERFDAHEKDLVELKAFIKLN-LPKQYEEIFSNAAI  365
EFR83390           ----------------------------------------------------------------------------
WP_046323366  284  LLARVGDEYAEIFVAAKNAYNAVVLSSIITVSNTETKAKLSASMIERFDKHDKDLKRMKAFFKVR-LPENFNEVFNDVEK  362
AKE81011      294  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  372
CUO82355      288  VENDLGE-YVEFIDSLHNIYSWVELQTIMGATHTD-NASISEAMVSRYNKHHEDLQLLKKCIKDN-VPKKYFDMFRNDSE  364
WP_033162887  289  LQSELGE-YIEFIEMLHNIYSWVELQAILGATHTD-NPSISAAMVERYEEHKKDLRVLKKVIREE-LPDKYNEVFRKDNR  365
AGZ01981      311  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  389
AKA60242      278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
AKS40380      278  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  356
4UN5_B        282  LLAQIGDQYADLFLAAKNLSDAILLSDILRVNTEITKAPLSASMIKRYDEHHQDLTLLKALVRQQ-LPEKYKEIFFDQSK  360
```

【数８３】

```
WP_010922251  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_039695303  358  --NGYAG  YIEN  G  VKQDEFYKYLKNILSK-IkiDGSDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM  422
WP_045635197  357  --DGYAG  YIDG  K  TTQETFYKYIKNLLSK-F--EGTDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM  419
5AXW_A        169  ------G  SINR  -  ----------K------TSDYVk----------------------------EA  183
WP_009880683   41  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  103
WP_010922251  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_011054416  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPYQIHLGEL  419
WP_011284745  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_011285506  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_011527619  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_012560673  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_014407541  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_020905136  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_023080005  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPYQIHLGEL  419
WP_023610282  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPYQIHLGEL  419
WP_030125963  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_030126706  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPYQIHLGEL  419
WP_031488318  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_032460140  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_032461047  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_032462016  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_032462936  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_032464890  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNRKDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_033888930  182  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  244
WP_038431314  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_038432938  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPYQIHLGEL  419
WP_038434062  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
BAQ51233      268  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  330
KGE60162           -------  ----  -  ----------------------------------------------------------
KGE60856           -------  ----  -  ----------------------------------------------------------
WP_002989955  357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
WP_003030002  357  --KGYAG  YIEN  G  VKQDEFYKYLKGILLQ-I--NGSGDFL--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM  419
WP_003065552  360  --NGYAG  YIEN  G  VKQDEFYKYLKNTLSK-Ia--GSDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM  422
WP_001040076  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040078  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040080  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040081  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040083  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040085  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
```

【数８４】

```
WP_001040087  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040088  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040089  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040090  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040091  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040092  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040094  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040095  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040096  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040097  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040098  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040099  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040100  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040104  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040105  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040106  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040107  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040108  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040109  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_001040110  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_015058523  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_017643650  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_017647151  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_017648376  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_017649527  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_017771611  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_017771984  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
CFQ25032      358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
CFV16040      358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
KLJ37842      358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
KLJ72361      358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
KLL20707      358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
KLL42645      358  --DGYAG  YIEG  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_047207273  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_047209694  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_050198062  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_050201642  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_050204027  358  --DGYAG  YIES  K  TNQGAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
WP_050881965  358  --DGYAG  YIEG  K  TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL  420
```

【数８５】

```
WP_050886065 358 --DGYAG YIEG K TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL 420
AHN30376     358 --DGYAG YIEG K TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSEYFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL 420
EAO78426     358 --DGYAG YIEG K TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EDSENFL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL 420
CCW42055     358 --DGYAG YIEG K TNQEAFYKYLSKLLTK-Q--EGSEYLL--EKIKNEDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLTEL 420
WP_003041502 357 --KGYAG YIES G VKQDEFYKYLKGILLQ-I--NGSGDFL--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_037593752 358 --KGYAG YIES G VEQDEFYKYLKGILLK-I--NGSGDFL--DKIDCEDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_049516684 358 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKNTLSK-I--DGSDYFL--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
GAD46167     357 --KGYAG YIES G VEQDEFYKYLKGILLK-I--NGSGDFL--DKIDCEDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_018363470 358 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKGILTK-I--NGSDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_003043819 357 --NGYAG YVGI G ATQEEFYKFTKPILEK-M--DGAEELLa--KLNRDDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLKEL 429
WP_006269658 357 --KGYAS YIES G VKQDEFYKYLKGILLK-I--NGSGDFL--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_048800889 357 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKNTLSK-I--DGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_012767106 357 --NGYAG YIDG G ASQEEFYKFTKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL 419
WP_014612333 357 --NGYAG YIDG G ASQEEFYKFTKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL 419
WP_015017095 357 --NGYAG YIDG G ASQEEFYKFTKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL 419
WP_015057649 357 --NGYAG YIDG G ASQEEFYKFTKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL 419
WP_048327215 357 --NGYAG YIDG G ASQEEFYKFTKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL 419
WP_049519324 357 --NGYAG YIDG G ASQEEFYKFTKPILEK-M--DGTEELLa--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL 419
WP_012515931 357 --NGYAG YIEG Q VSQEEFYKYLKPILAR-L--DGSEPLLl--KIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLEEL 419
WP_021320964 357 --NGYAG YIEG Q VSQEEFYKYLKPILAR-L--DGSEPLLl--KIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLEEL 419
WP_037581760 357 --NGYAG YIEG Q VSQEEFYKYLKPILAR-L--DGSEPLLl--KIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLEEL 419
WP_004232481 357 --NGYAG YIEN G VKQDIFYKHLKSIISE-K--NGGQYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPYQIHLQEM 419
WP_009854540 358 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKNTLSK-I--DGSDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_012962174 358 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKTTLSK-I--DGSDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_039695303 358 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKNILSK-IkiDGSDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 422
WP_014334983 357 --NGYAG YIDN G VKQDEFYKYLKTILTK-I--DDSDYFL--DKIERDDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_003099269 357 --NGYAG YIDG K TSQEEFYKYIKPILLK-L--DGTEKLIs--KLEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLNEL 419
AHY15608     357 --NGYAG YIDG K TSQEEFYKYIKPILLK-L--DGTEKLIs--KLEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLNEL 419
AHY17476     357 --NGYAG YIDG K TSQEEFYKYIKPILLK-L--DGTEKLIs--KLEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLNEL 419
ESR09100     ------ ---- - ----------------------------------------------------------
AGM98575     357 --NGYAG YIDG K TSQEEFYKYIKPILLK-L--DGTEKLIs--KLEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLNEL 419
ALF27331     357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_018372492 355 --PSYAA YVSG A VTEDDFYKFSKGLLID-V--EGAEYFL--EKIEREDFLRKQRTFDNGAIPNQVHVKEL 432
WP_045618028 358 --DGYAG YIDG K TTQEAFYKYIKNLLSK-L--EGADYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_045635197 357 --DGYAG YIDG K TTQETFYKYIKNLLSK-F--EGTDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002263549 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002263887 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002264920 357 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKNTLSK-I--AGSDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002269043 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
```

【数８６】

```
WP_002269448 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002271977 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002272766 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002273241 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002275430 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002276448 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002277050 357 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKNTLSK-I--AGSDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002277364 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002279025 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002279859 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002280230 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002281696 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002282247 357 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKNTLSK-I--TGSDYFL--DQIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002282906 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002283846 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002287255 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002288990 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002289641 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002290427 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002295753 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002296423 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002304487 357 --NGYAG YVGA D ATEEEFYKYVKGILNK-V--EGADVWL--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 429
WP_002305844 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002307203 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002310390 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002352408 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_012997688 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_014677909 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_019312892 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_019313659 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_019314093 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_019315370 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGNGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_019803776 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_019805234 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_024783594 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_024784288 357 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKNTLSK-I--TGSDYFL--DQIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_024784666 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_024784894 357 --DGYAG YIDG K TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_024786433 357 --NGYAG YIEN G VKQDEFYKYLKNTLSK-I--AGSDYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
```

【数８７】

```
WP_049473442 357  --DGYAG  YIDG  K  TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_049474547 357  --DGYAG  YIDG  K  TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
EMC03581     350  --DGYAG  YIDG  K  TNQEAFYKYLKGLLNK-I--EGSGYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 412
WP_000428612 358  --DGYAG  YIDG  K  TTQESFYKYIKNLLSK-F--EGADYFL--EKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_000428613 358  --DGYAG  YIDG  K  TTQEAFYKYIKNLLSK-F--EGTDYFL--EKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_049523028 357  --DGYAG  YIDG  K  TTQEGFYKYIKNLISK-I--EGAEYFL--EKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_003107102 326  --NGYAG  YING  K  TSQEDFYKYIKPILSK-L--KGAESLIs--KLEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLNEL 388
WP_054279288 359  --DGYAG  YISG  K  TSQEAFYKYIKPILET-L--DGAEDFLt--KINREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL 421
WP_049531101 358  --EGYAG  YIDS  K  TTQEAFYKYIKNLLSK-I--DGADYLL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_049538452 358  --DGYAG  YVDG  K  TTQEAFYKYIKNLLSK-F--EGADYFL--EKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_049549711 358  --DGYAG  YIDG  K  TTQEAFYKYIKNLLSK-F--EGTDYFL--EKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_007896501 359  --NGYAG  YIEG  K  VSQEDFYRYIKPILSR-L--KGGDEFLa--KIDRDDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLKEL 421
EFR44625     311  --NGYAG  YIEG  K  VSQEDFYRYIKPILSR-L--KGGDEFLa--KIDRDDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLKEL 373
WP_002897477 357  --DGYAG  YIDG  K  TTQEAFYKYIKNLLSK-F--EGADYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_002906454 357  --DGYAG  FIDG  K  TTQEAFYKYIKNLLSK-L--EGADYFL--NKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_009729476 358  --DGYAG  YIDG  K  TTQETFYKYIKNLLSK-F--EGADYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
CQR24647     358  --NGYAG  YIDG  K  TNQEDFYKYLKNLLQK-V--DGGDYFI--EKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQVHLDEM 420
WP_000066813 358  --DGYAG  YIDG  K  TTQEAFYKYIKNLLSK-F--EGADYFL--DKIEREDFLKKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_009754323 358  --DGYAG  YIDG  K  TTQEAFYKYIKNLLSK-F--EGADYFL--DKIEREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 420
WP_044674937 357  --DGYAG  YIEG  K  TTQENFYRFIKKAIEK-I--EGSDYFI--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_044676715 357  --DGYAG  YIEG  K  TTQENFYRFIKKAIEK-I--EGSNYFI--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_044680361 357  --DGYAG  YIEG  K  TTQENFYRFIKKAIEK-I--EGSNYFI--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_044681799 357  --DGYAG  YIEG  K  TTQENFYRFIKKAIEK-I--EGSDYFI--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_049533112 357  --KGYAG  YIEN  G  VKQDEFYKYLKGILLQ-I--NGSGDFL--DKIDREDFLRKQRTFDNGSIPHQIHLQEM 419
WP_029090905 316  fyTDYIG  YEES  K  SKEERLFKHIELLLAKeNvlTTVEHALLeKNITFASLLPLQRSSRNAVIPYQVHEKEL 403
WP_006506696 361  ksKGYYN  YINR  K  APVDEFYKYVKKCIEK-VdtPEAKQILn--DIELENFLLKQNSRTNGSVPYQMQLDEM 429
AIT42264     357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL 419
WP_034440723 363  --NGYAG  YIDG  K  TSQEDFYKFVKAQLKG---eENGEYFL--EAIENENFLRKQRSFYNGVIPYQIHLQEL 425
AKQ21048     357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL 419
WP_004636532 356  --NGYAG  YIDG  K  TNQEDFYKYIEKVMKT-IksDKKDYFL--DKIDREVFLRKQRSFYNSVIPHQIHLQEM 420
WP_002364836 363  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL 427
WP_016631044 314  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL 378
EMS75795     100  --NGYAG  YIDG  K  TTQEDFYKFLKKELNG-I--AGSERFM--EKVDQENFLLKQRTTANGVIPHQVHLTEL 162
WP_002373311 363  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL 427
WP_002378009 363  --DGYAG  YITH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL 427
WP_002407324 363  --DGYAG  YITH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL 427
WP_002413717 363  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL 427
WP_010775580 365  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL 429
WP_010818269 363  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL 427
```

【数８８】

```
WP_010824395  363  --DGYAG  YITH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL  427
WP_016622645  363  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL  427
WP_033624816  363  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL  427
WP_033625576  363  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL  427
WP_033789179  363  --DGYAG  YIAH  A  VSQLKFYQYVKKIIQD-I--AGAEYFL--EKIAQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLAEL  427
WP_002310644  361  --NGYAG  YIEG  H  ATQEDFYKFVKKELTG-I--RGSEVFL--TKIEQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLTEL  423
WP_002312694  362  --NGYAG  YIEG  H  ATQEAFYKFVKKELTG-I--RGSEVFL--TKIEQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLSEL  424
WP_002314015  362  --NGYAG  YIEG  H  ATQEDFYKFVKKELTG-I--RGSEVFL--TKIEQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLTEL  424
WP_002320716  362  --NGYAG  YIEG  H  ATQEDFYKFVKKELTG-I--RGSEVFL--TKIEQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLTEL  424
WP_002330729  361  --NGYAG  YIEG  H  ATQEDFYKFVKKELTG-I--RGSEVFL--TKIEQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLTEL  423
WP_002335161  362  --NGYAG  YIEG  H  ATQEDFYKFVKKELTG-I--RGSEVFL--TKIEQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLTEL  424
WP_002345439  362  --NGYAG  YIEG  H  ATQEDFYKFVKKELTG-I--RGSEVFL--TKIEQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLTEL  424
WP_034867970  355  --NGYAG  YIKG  K  TTQEEFYKFVKKELSG-V--VGSEPFL--EKIDQETFLLKQRTYTNGVIPHQVHLIEL  417
WP_047937432  362  --NGYAG  YIEG  H  ATQEDFYKFVKKELTG-I--RGSEVFL--TKIEQENFLRKQRTFDNGVIPHQIHLTEL  424
WP_010720994  355  --NGYAG  YIKG  K  TTQEEFYKFVKKELSG-V--VGSEPFL--EKIDQETFLLKQRTYTNGVIPHQVHLIEL  417
WP_010737004  355  --NGYAG  YIKG  K  TTQEEFYKFVKKELSG-V--VGSEPFL--EKIDQETFLLKQRTYTNGVIPHQVHLIEL  417
WP_034700478  355  --NGYAG  YIKG  K  TTQEEFYKFVKKELSG-V--VGSEPFL--EKIDQETFLLKQRTYTNGVIPHQVHLIEL  417
WP_007209003  359  --NGYAG  YIDG  K  TKEEEFYKYLKTTLVQ---kSGYQYFI--EKIEQENFLRKQRIYDNGVIPHQVHAEEL  421
WP_023519017  355  --NGYAG  YVKG  K  ATQEDFYKFLRTELAG-L--EESQSIM--EKIDLEIYLLKQRTFANGVIPHQIHLVEM  417
WP_010770040  358  --SGYAG  YVEN  S  VTQAEFYKYIKKAIEK-V--PGAEYFL--EKIEQETFLDKQRTFNNGVIPHQIHLEEL  422
WP_048604708  354  --DGYAG  YIDN  S  TSQEKFYKYITNLIEK-I--DGAEYFL--KKIENEDFLRKQRTFDNGIIPHQIHLEEL  418
WP_010750235  355  --DGYAG  YIDG  K  TTQADFYKFLKKELTG-V--PGSEPML--AKIDQENFLLKQRTPTNGVIPHQVHLTEF  417
AII16583      396  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  458
WP_029073316  367  kkNNYCN  YINH  K  TPVDEFYKYIKKLIEK-IddPDVKTILn--KIELESFMLKQNSRTNGAVPYQMQLDEL  435
WP_031589969  367  kkNNYCN  YINH  K  TPVDEFYKYIKKLIEK-IddPDVKTILn--KIELESFMLKQNSRTNGAVPYQMQLDEL  435
KDA45870      354  -iSGYAG  YIDG  K  VSEEDFYKYTKKTLKG-I--PETEEILq--KIDANNYLRKQRTFDNGAIPHQVHLKEL  417
WP_039099354  360  -------  YVDG  K  -SKEDFYGDITKALKNnPdhPIVSEIKk--LIELDQFMPKQRTKDNGAIPHQLHQQEL  425
AKP02966      349  --QAYDD  YINK  K  ---KELYTSLKKFLKVaLp-TNLAKEAe-EKISKGTYLVKPRNSENGVVPYQLNKIEM  415
WP_010991369  363  --HGYAG  YIDG  -  TKQADFYKYMKMTLEN-I--EGADYFI--AKIEKENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  425
WP_033838504  363  --HGYAG  YIDG  -  TKQADFYKYMKMTLEN-I--EGADYFI--AKIEKENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  425
EHN60060      366  --HGYAG  YIDG  -  TKQADFYKYMKMTLEN-I--EGADYFI--AKIEKENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  428
EFR89594      132  --HGYAG  YIDG  -  TKQADFYKYMKTTLEN-I--EGADYFI--AKIEKENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  194
WP_038409211  363  --DGYAG  YIDG  -  TTQEKFYKYMKKMLAN-I--DGADYFI--DQIEEENFLRKQRTFDNGTIPHQLHLEEL  425
EFR95520      1    -------  ----  -  ----------MKKMLAN-I--DGADYFI--DQIEEENFLRKQRTFDNGTIPHQLHLEEL  44
WP_003723650  363  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTTLEN-I--EGSDYFI--AKIEEENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  425
WP_003727705  363  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTTLEN-V--EGADYFI--TKIEEENFLRKQRTFDNGVIPHQLHLEEL  425
WP_003730785  363  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTTLEN-V--EGADYFI--TKIEEENFLRKQRTFDNGVIPHQLHLEEL  425
WP_003733029  363  --HGYAG  YISG  -  TKQADFYKYMKATLEK-I--EGADYFI--AKIEEENFLRKQRTFDNGVIPHQLHLEEL  425
WP_003739838  363  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTLLEN-I--EGADYFI--AKIEEENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  425
```

【数８９】

```
WP_014601172  363  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTILEN-I--EGADYFI--AKIEEENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  425
WP_023548323  363  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTTLEN-V--EGADYFI--TKIEEENFLRKQRTFDNGVIPHQLHLEEL  425
WP_031665337  363  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTILEN-I--EGSDYFI--AKIEEENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  425
WP_031669209  363  --HGYAG  YISG  -  TKQADFYKYMKATLEK-I--EGADYFI--AKIEEENFLRKQRTFDNGVIPHQLHLEEL  425
WP_033920898  363  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTILEN-I--EGADYFI--AKIEEENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  425
AKI42028      366  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTILEN-I--EGADYFI--AKIEEENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  428
AKI50529      366  --DGYAG  YIDG  -  TKQVDFYKYLKTILEN-I--EGADYFI--AKIEEENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  428
EFR83390      ---  -------  ----  -  ----------------------------------------------------------  ---
WP_046323366  363  --DGYAG  YIEG  -  TKQEAFYKYMKKMLEH-V--EGADYFI--NQIEEENFLRKQRTFDNGAIPHQLHLEEL  425
AKE81011      373  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  435
CUO82355      365  kvKGYYN  YINR  K  APVDEFYKFVKKCIEK-VdtPEAKQILh--DIELENFLLKQNSRTNGSVPYQMQLDEM  433
WP_033162887  366  klHNYLG  YIKY  D  TPVEEFYKYIKGLLAK-VdtDEAREILe--RIDLEKFMLKQNSRTNGSIPYQMQKDEM  434
AGZ01981      390  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  452
AKA60242      357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
AKS40380      357  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  419
4UN5_B        361  --NGYAG  YIDG  G  ASQEEFYKFIKPILEK-M--DGTEELLv--KLNREDLLRKQRTFDNGSIPHQIHLGEL  423
```

【数９０】

```
WP_010922251  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_039695303  423  HAILRRQGDYYPFLKE--KQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  VRKD--SRFAWAEY---RSDEKITPWNFDKVIDKEK  489
WP_045635197  420  NAILRRQGEYYPFLKD--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDEAIRPWNFEEIVDKAS  486
5AXW_A        184  KQLLKVQKAYHQLDQSfi--D  TYIDLLETRRTYYEGPG  ---Eg-SPFGWKDI-------------------  229
WP_009880683  104  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  170
WP_010922251  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_011054416  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_011284745  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_011285506  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_011527619  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_012560673  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_014407541  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_020905136  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_023080005  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_023610282  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_030125963  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_030126706  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_031488318  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_032460140  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_032461047  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_032462016  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_032462936  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_032464890  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_033888930  245  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  311
WP_038431314  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_038432938  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_038434062  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
BAQ51233      331  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  397
KGE60162           ----------------------  ----------------  ----------------------------------
KGE60856           ----------------------  ----------------  ----------------------------------
WP_002989955  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_003030002  420  HAILRRQEEHYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKG--SRFAWAEY---KADEKITPWNFDDILDKEK  486
WP_003065552  423  HAIIRRQGDYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARKD--SRFSWAEY---HSDEKITPWNFDKVIDKEK  489
WP_001040076  421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040078  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040080  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040081  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040083  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040085  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
```

【数９１】

```
WP_001040087  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040088  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040089  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040090  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040091  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040092  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040094  421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040095  421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040096  421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040097  421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040098  421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040099  421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040100  421  RAIIRRQSEYYPLLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040104  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040105  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_001040106  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_001040107  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_001040108  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_001040109  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_001040110  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_01505852 3  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_01764365 0  421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_01764715 1  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_01764837 6  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_01764952 7  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_01777161 1  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_01777198 4  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
CFQ25032       421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
CFV16040       421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
KLJ37842       421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
KLJ72361       421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
KLL20707       421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
KLL42645       421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_04720727 3  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_04720969 4  421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_05019806 2  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_05020164 2  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
WP_05020402 7  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_05088196 5  421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
```

【数９２】

```
WP_050886065  421  KDIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
AHN30376      421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
EAO78426      421  KAIIRRQSEYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEDLVDKEK  487
CCW42055      421  RAIIRRQSEYYPFLKE--NLD  RIEKILTFRIPYYVGPL  AREK--SDFAWMTR---KTDDSIRPWNFEELVDKEA  487
WP_003041502  420  HAILRRQGEHYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKG--SRFAWAEY---KADEKITPWNFDDILDKEK  486
WP_037593752  421  HAILRRQGEHYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKG--SRFAWAEY---KADEKITPWNFDDILDKEK  487
WP_049516684  421  HAILRRQGEHYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKG--SRFAWAEY---KADEKITPWNFDDILDKEK  487
GAD46167      420  HAILRRQGEHYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKG--SRFAWAEY---KADEKITPWNFDDILDKEK  486
WP_018363470  421  HAILRRQGDYYPFLKE--NQE  EIEKILTFRIPYYVGPL  ARKD--SRFAWAEY---RSDEKITPWNFDKVIDKEK  487
WP_003043819  430  HAILRRQEEFYPFLKE--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWLTR---KSEEAITPWNFEEVVDKGA  496
WP_006269658  420  HAILRRQGEHYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKG--SRFAWAEY---KADEKITPWNFDDILDKEK  486
WP_048800889  420  HAILRRQGEHYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  VRKG--SRFAWAEY---KADEKITPWNFDDILDKEK  486
WP_012767106  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_014612333  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_015017095  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_015057649  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_048327215  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_049519324  420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_012515931  420  HAILRRQEVFYPFLKD--NRK  KIESLLTFRIPYYVGPL  ARG-h-SRFAWVKR---KFDGAIRPWNFEEIVDEEA  486
WP_021320964  420  HAILRRQEVFYPFLKD--NRK  KIESLLTFRIPYYVGPL  ARG-h-SRFAWVKR---KFDGAIRPWNFEEIVDEEA  486
WP_037581760  420  HAILRRQEVFYPFLKD--NRK  KIESLLTFRIPYYVGPL  ARG-h-SRFAWVKR---KFDGAIRPWNFEEIVDEEA  486
WP_004232481  420  RTILRRQGEYYPFLKE--NQA  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKN--SRFAWAKY---HSDEPITPWNFDEVVDKEK  486
WP_009854540  421  HAILRRQGDYYPFLKE--KQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  VRKD--SRFAWAEY---RSDEKITPWNFDKVIDKEK  487
WP_012962174  421  HAILRRQGEHYAFLKE--NQA  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKN--SRFAWAEY---HSDEKITPWNFDEIIDKEK  487
WP_039695303  423  HAILRRQGDYYPFLKE--KQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  VRKD--SRFAWAEY---RSDEKITPWNFDKVIDKEK  489
WP_014334983  420  HSILRRQGDYYPFLKE--NQA  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKD--SRFAWANY---HSDEPITPWNFDEVVDKEK  486
WP_003099269  420  KAIIRRQEKFYPFLKE--NQK  KIEKLFTFKIPYYVGPL  ANG-q-SSFAWLKR---QSNESITPWNFEEVVDQEA  486
AHY15608      420  KAIIRRQEKFYPFLKE--NQK  KIEKLFTFKIPYYVGPL  ANG-q-SSFAWLKR---QSNESITPWNFEEVVDQEA  486
AHY17476      420  KAIIRRQEKFYPFLKE--NQK  KIEKLFTFKIPYYVGPL  ANG-q-SSFAWLKR---QSNESITPWNFEEVVDQEA  486
ESR09100      ---  ----------------  ----------------  ----------------------------------  ---
AGM98575      420  KAIIRRQEKFYPFLKE--NQK  KIEKLFTFKIPYYVGPL  ANG-q-SSFAWLKR---QSNESITPWNFEEVVDQEA  486
ALF27331      420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYIGPL  ARGK--SDFSWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_018372492  433  QAIILNQSKYYPFLAE--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--SSFAWLQR---KSDEAIRPWNFEQVVDMET  499
WP_045618028  421  NAIIRRQGEHYPFLQE--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDQAIRPWNFEEIVDKAR  487
WP_045635197  420  NAILRRQGEYYPFLKD--NKE  KIEKLLTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDEAIRPWNFEEIVDKAS  486
WP_002263549  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002263887  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKLLTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002264920  420  HAILRRQGDYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002269043  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
```

【数９３】

```
WP_002269448  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002271977  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002272766  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002273241  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002275430  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002276448  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002277050  420  HAILRRQGDYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARKN--SRFAWAEY---HSDEAVMPWNFDQVIDKES  486
WP_002277364  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002279025  420  RAIIRRQSEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002279859  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002280230  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002281696  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002282247  420  HAILRRQGDYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARKN--SRFAWAEY---HSDEAVTPWNFDQVIDKES  486
WP_002282906  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKLLTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002283846  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002287255  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002288990  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002289641  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKLLTFRIPYYVGPL  ASGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002290427  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002295753  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002296423  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002304487  430  HAILRRQGEHYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  VRKG--SRFAWAEY---KADEKITPWNFDDILDKEK  496
WP_002305844  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002307203  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002310390  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_002352408  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_012997688  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_014677909  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_019312892  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_019313659  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKLLTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_019314093  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_019315370  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_019803776  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKLLTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_019805234  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_024783594  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKLLTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_024784288  420  HAILRRQGDYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARKN--SRFAWAEY---HSDEAVTPWNFDQVIDKES  486
WP_024784666  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_024784894  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ASGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_024786433  420  HAILRRQGDYYPFLKE--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARKN--SRFAWAEY---HSDEAVTPWNFDQVIDKES  486
```

【数９４】

```
WP_049473442  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
WP_049474547  420  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKLLTFRIPYYVGPL  ASGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  486
EMC03581      413  RAIIRRQAEFYPFLAD--NQD  RIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SDFAWLSR---KSADKITPWNFDEIVDKES  479
WP_000428612  421  NAILRRQGEHYPFLKE--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDQAIRPWNFEEIVDKAS  487
WP_000428613  421  NAILRRQGEHYPFLKD--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDEAIRPWNFEEIVDKAS  487
WP_049523028  420  NAILRHQGEYYPFLKE--NKD  KIEQILTFRIPYYVGPL  ARGN--SDFAWLSR---NSDEAIRPWNFEEMVDKSS  486
WP_003107102  389  KSIIRRQEKYYPFLKD--KQV  RIEKIFTFRIPYFVGPL  ANG-n-SSFAWVKR---RSNESITPWNFEEVVEQEA  455
WP_054279288  422  QAILERQQAYYPFLKD--NQE  KIEKILTFRIPYYIGPL  ARG-n-SRFAWLTR---TSDQKITPWNFDEMVDQEA  488
WP_049531101  421  NAILRRQGEHYPFLKE--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDQAIRPWNFEEIVDKAS  487
WP_049538452  421  NAILRRQGEHYPFLKE--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDQAIRPWNFEEIVDKAS  487
WP_049549711  421  NAILRRQGEHYPFLKE--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDQAIRPWNFEEIVDKAS  487
WP_007896501  422  HAILRRQEKYYPFLAE--QKE  KIEQLLCFRIPYYVGPL  AKGGn-SSFAWLKR---RSDEPITPWNFKDVVDEEA  489
EFR44625      374  HAILRRQEKYYPFLAE--QKE  KIEQLLCFRIPYYVGPL  AKGGn-SSFAWLKR---RSDEPITPWNFKDVVDEEA  441
WP_002897477  420  NAILRRQGEHYPFLKE--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARDN--RDFSWLTR---NSDEPIRPWNFEEVVDKAR  486
WP_002906454  420  NAILRRQGEHYLFLKE--NRE  KIEKILAFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDQAIRPWNFEEVVDKAS  486
WP_009729476  421  NAILRRQGEHYPFLKE--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDQAIRPWNFEEIVDKAS  487
CQR24647      421  KAILRRQGEFYPFLKE--NAE  KIQQILTFKIPYYVGPL  ARGN--SRFAWASY---NSNEKMTPWNFDNVIDKTS  487
WP_000066813  421  NAIIRRQGEHYPFLQE--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--GDFAWLTR---NSDQAIRPWNFEEIVDQAS  487
WP_009754323  421  NAILRRQGEHYPLLKE--NKE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGN--RDFAWLTR---NSDQAIRPWNFEEIVDKAS  487
WP_044674937  420  HAIIRRQAEFYPFLVE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SEFAWLNR---KSDEKIRPWNFDEMVDKET  486
WP_044676715  420  HAIIRRQAEFYPFLVE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SEFAWLNR---KSDEKIRPWNFDEMVDKET  486
WP_044680361  420  HAIIRRQAEFYPFLVE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SEFAWLNR---KSDEKIRPWNFDEMVDKET  486
WP_044681799  420  HAIIRRQAEFYPFLVE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARGK--SEFAWLNR---KSDEKIRPWNFDEMVDKET  486
WP_049533112  420  HAILRRQEEHYPFLKE--NQD  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARKG--SRFAWAEY---KADEKITPWNFDDILDKEK  486
WP_029090905  404  VAILENQATYYPFLLE--QKD  NIHKLLTFRIPYYVGPL  ADQKd-SEFAWMVR---KQAGKITPFNFEEMVDIDA  471
WP_006506696  430  IKIIDNQAEYYPILKE--KRE  QLLSILTFRIPYYFGPL  ETSEh---AWIKRlegKENQRILPWNYQDIVDVDA  498
AIT42264      420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_034440723  426  TAVLDQQEKHYSFLKE--NRD  KIISLLTFRIPYYVGPL  AKGE--SRFAWLER--sNSEEKIKPWNFDKIVDIDK  493
AKQ21048      420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
WP_004636532  421  QAILDRQSQYYPFLAE--NRD  KIESLVTFRIPYYVGPL  TVSDq-SEFAWMER---QSDEPIRPWNFDEIVNKER  488
WP_002364836  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_016631044  379  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  446
EMS75795      163  KAIIERQKPYYPSLEE--ARD  KMIRLLTFRIPYYVGPL  AQGEetSSFAWLER---KTPEKVTPWNATEVIDYSA  231
WP_002373311  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_002378009  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-NTFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_002407324  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_002413717  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_010775580  430  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQK  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  497
WP_010818269  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
```

【数９５】

```
WP_010824395  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_016622645  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_033624816  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQK  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_033625576  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQE  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QNEKPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_033789179  428  QAIIHRQAAYYPFLKE--NQK  KIEQLVTFRIPYYVGPL  SKGDa-STFAWLKR---QSEEPIRPWNLQETVDLDQ  495
WP_002310644  424  RAIIANQKKHYPFLKE--EQE  KLESLLTFKIPYYVGPL  AKKQenSPFAWLIR---KSEEKIKPWNLPEIVDMEG  492
WP_002312694  425  RAIIANQKKHYPFLKE--EQE  KLESLLTFKIPYYVGPL  AKKQenSPFAWLIR---KSEEKIKPWNLPEIVDMEG  493
WP_002314015  425  RAIIANQKKHYPFLKE--EQE  KLESLLTFKIPYYVGPL  AKKQenSPFAWLIR---KSEEKIKPWNLPEIVDMEG  493
WP_002320716  425  RAIIANQKKHYPFLKE--EQE  KLESLLTFKIPYYVGPL  AKKQenSPFAWLIR---KSEEKIKPWNLPEIVDMEG  493
WP_002330729  424  RAIIANQKKHYPFLKE--EQE  KLESLLTFKIPYYVGPL  AKKQenSPFAWLIR---KSEEKIKPWNLPEIVDMEG  492
WP_002335161  425  RAIIANQKKHYPFLKE--EQE  KLESLLTFKIPYYVGPL  AKKQenSPFAWLIR---KSEEKIKPWNLPEIVDMEG  493
WP_002345439  425  RAIIANQKKHYPFLKE--EQE  KLESLLTFKIPYYVGPL  AKKQenSPFAWLIR---KSEEKIKPWNLPEIVDMEG  493
WP_034867970  418  KAIIDQQKQHYPFLEE--AGP  KIIALFKFRIPYYVGPL  AKEQeaSSFAWIER---KTAEKINPWNFSEVVDIEK  486
WP_047937432  425  RAIIANQKKHYPFLKE--EQE  KLESLLTFKIPYYVGPL  AKKQenSPFAWLIR---KSEEKIKPWNLPEIVDMEG  493
WP_010720994  418  KAIIDQQKQHYPFLEE--AGP  KIIALFKFRIPYYVGPL  AKEQeaSSFAWIER---KTAEKINPWNFSEVVDIEK  486
WP_010737004  418  KAIIDQQKQHYPFLEE--AGP  KIIALFKFRIPYYVGPL  AKEQeaSSFAWIER---KTAEKINPWNFSEVVDIEK  486
WP_034700478  418  KAIIDQQKQHYPFLEE--AGP  KIIALFKFRIPYYVGPL  AKEQeaSSFAWIER---KTAEKINPWNFSEVVDIEK  486
WP_007209003  422  RAILRKQEKYYSFLKE--NHE  KIEQIFKVRIPYYVGPL  AKHNeqSRFAWNIR---KSDEPIRPWNMNDVVDENA  490
WP_023519017  418  REIMDRQKRFYPFLKG--AQG  KIEKLLTFRIPYYVGPL  AQEGq-SPFAWIKR---KSPSQITPWNFAEVVDKEN  485
WP_010770040  423  EAIIQKQATYYPFLAD--NKE  EMKQLVTFRIPYYVGPL  ADGN--SPFAWLER---ISSEPIRPGNLAEVVDIKK  489
WP_048604708  419  KAILHHQAMYYPFLQE--KFS  NFVDLLTFRIPYYVGPL  ANGN--SRFSWLSR---KSDEPIRPWNLAEVVDLSK  485
WP_010750235  418  KAIIDQQKQYYPFLEK--SKE  KMIQLLTFRIPYYVGPL  AQDKetSSFAWLER---KTTEKIKPWNAKDVIDYGA  486
AII16583      459  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  525
WP_029073316  436  NKILENQSVYYSDLKD--NED  KIRSILTFRIPYYFGPL  ITKDr--QFDWIIKkegKENERILPWNANEIVDVDK  506
WP_031589969  436  NKILENQSVYYSDLKD--NED  KIRSILTFRIPYYFGPL  ITKDr--QFDWIIKkegKENERILPWNANEIVDVDK  506
KDA45870      418  VAIVENQGKYYPFLRE--NKD  KFEKIINFRIPYYVGPL  ARGN--SKFAWLTR--a-GEGKITPYNFDEMIDKET  484
WP_039099354  426  DRIIENQQQYYPWLAE-lNPN  KLDELVAFRVPYYVGPL  QQQSsdAKFAWMIR---KAEGQITPWNFDDKVDRQA  509
AKP02966      416  EKIIDNQSQYYPFLKE--NKE  KLLSILSFRIPYYVGPL  -QSSekNPFAWMER---KSNGHARPWNFDEIVDREK  483
WP_010991369  426  EAILHQQAKYYPFLKE--NYD  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
WP_033838504  426  EAILHQQAKYYPFLKE--NYD  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
EHN60060      429  EAILHQQAKYYPFLKE--NYD  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  495
EFR89594      195  EAILHQQAKYYPFLKE--NYD  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  261
WP_038409211  426  EAILHQQAKYYPFLRK--DYE  KIRSLVTFRIPYFIGPL  ANGQ--SDFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
EFR95520      45   EAILHQQAKYYPFLRK--DYE  KIRSLVTFRIPYFIGPL  ANGQ--SDFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  111
WP_003723650  426  EAIIHQQAKYYPFLKE--DYD  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
WP_003727705  426  EAILHQQAKYYPFLRE--GYD  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SEFAWLTR---KDDGEIRPWNIEEKVDFGK  492
WP_003730785  426  EAILHQQAKYYPFLRE--GYD  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SEFAWLTR---KDDGEIRPWNIEEKVDFGK  492
WP_003733029  426  EAILHQQAKYYPFLRE--DYE  KIKSLVTFRIPYFVGPL  AKGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
WP_003739838  426  EAILHQQAKYYPFLKE--AYD  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SDFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
```

【数９６】

```
WP_014601172  426  EAIIHQQAKYYPFLRE--DYE  KIKSLVTFRIPYFVGPL  AKGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
WP_023548323  426  EAILLHQQAKYYPFLRE--DYE  KIKSLVTFRIPYFVGPL  AKGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
WP_031665337  426  EAIIHQQAKYYTFLKE--DYD  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
WP_031669209  426  EAILHQQAKYYPFLRE--DYE  KIKSLVTFRIPYFVGPL  AKGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
WP_033920898  426  EAIIHQQAKYYPFLRE--DYE  KIKSLVTFRIPYFVGPL  AKGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
AKI42028      429  EAIIHQQAKYYPFLRE--DYE  KIKSLVTFRIPYFVGPL  AKGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  495
AKI50529      429  EAIIHQQAKYYPFLRE--DYE  KIKSLVTFRIPYFVGPL  AKGQ--SEFAWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  495
EFR83390      ---  --------------------  ----------------  ------------------------------------  ---
WP_046323366  426  EAILHQQAKYYPFLKV--DYE  KIKSLVTFRIPYFVGPL  ANGQ--SEFSWLTR---KADGEIRPWNIEEKVDFGK  492
AKE81011      436  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  502
CUO82355      434  IKIIDNQAKYYPVLKE--KRE  QLLSILTFRIPYYFGPL  ETSEh---AWIKRlegKENQRILPWNYQDTVDVDA  502
WP_033162887  435  IQIIDNQSVYYPQLKE--NRD  KLISILEFRIPYYFGPL  AHSE----FAWIKKfedKQKERILPWNYDQIVDIDA  503
AGZ01981      453  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  519
AKA60242      420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
AKS40380      420  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  486
4UN5_B        424  HAILRRQEDFYPFLKD--NRE  KIEKILTFRIPYYVGPL  ARG-n-SRFAWMTR---KSEETITPWNFEEVVDKGA  490
```

【数９７】

```
WP_010922251  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_039695303  490  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSHVYETYAVYNELTKIKYVN--EQGKES-FFDSNMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  563
WP_045635197  487  SAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKKQIVNQLFK--ENR-KVTE  561
5AXW_A        230  --KEWYEMLMGHCTYFPEELRSVKYAYNADLYNALNDLNNLVITR--DENEKLeYYE---KFQIIENVFK--QKK-KPTL  299
WP_009880683  171  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  245
WP_010922251  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_011054416  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_011284745  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_011285506  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_011527619  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_012560673  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_014407541  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_020905136  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_023080005  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_023610282  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_030125963  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_030126706  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_031488318  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPeFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_032460140  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_032461047  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_032462016  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_032462936  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_032464890  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_033888930  312  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  386
WP_038431314  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_038432938  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_038434062  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
BAQ51233      398  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  472
KGE60162           ----------------------------------------------------------------------------------
KGE60856           ----------------------------------------------------------------------------------
WP_002989955  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_003030002  487  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSLLYETFTVYNELTKVKYVN--EQGEAK-FFDANMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  560
WP_003065552  490  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSHVYETYAVYNELTKIKYVN--EQGKDS-FFDSNMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  563
WP_001040076  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDFqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_001040078  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040080  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040081  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040083  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040085  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
```

【数９８】

```
WP_001040087  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040088  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040089  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040090  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040091  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040092  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNVKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040094  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDDfqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_001040095  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDDfqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_001040096  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDDfqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_001040097  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDDfqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_001040098  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDDfqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_001040099  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDDfqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_001040100  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDFqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_001040104  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040105  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040106  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040107  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040108  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040109  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_001040110  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_015058523  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNVKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_017643650  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDFqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_017647151  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_017648376  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_017649527  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_017771611  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_017771984  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
CFQ25032      488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
CFV16040      488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
KLJ37842      488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
KLJ72361      488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
KLL20707      488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
KLL42645      488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_047207273  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_047209694  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRFLA--EGFKDFqFLNRKQKETIFNSLFK--EKR-KVTE  562
WP_050198062  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_050201642  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_050204027  488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
WP_050881965  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
```

【数９９】

```
WP_050886065  488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
AHN30376      488  SAEAFIHRMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNVKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
EAO78426      488  SAEAFIHRMTNNDFYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EHR-KVSK  561
CCW42055      488  SAEAFIHCMTNNDLYLPEEKVLPKHSLIYEKFTVYNELTKVRYKN--EQGETY-FFDSNIKQEIFDGVFK--EYR-KVSK  561
WP_003041502  487  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSPLYETFTVYNELTKVKYVN--EQGEAK-FFDANMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  560
WP_037593752  488  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSPLYETFTVYNELTKVKYVN--EQGEAK-FFDTNMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  561
WP_049516684  488  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSPLYETFTVYNELTKVKYVN--EQGEAK-FFDTNMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  561
GAD46167      487  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSPLYETFTVYNELTKVKYVN--EQGEAK-FFDTNMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  560
WP_018363470  488  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSHVYETFAVYNELTKVKYVN--EQGKDS-FFDSNMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  561
WP_003043819  497  SAQSFIERMTNFDEQLPNKKVLPKHSPLYEAFTVYNELTKVKYVT--ERMRKPeFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  571
WP_006269658  487  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSPLYEAFTVYNELTKVKYVN--EQGEAK-FFDTNMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  560
WP_048800889  487  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSLLYEIFTVYNELTKVKYVN--EQGEAK-FFDANMKQEIFDHVFK--ENP-KVTK  560
WP_012767106  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPeFLSGKQKEAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_014612333  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPeFLSGKQKEAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_015017095  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPeFLSGKQKEAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_015057649  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPeFLSGKQKEAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_048327215  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPeFLSGKQKEAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_049519324  487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_012515931  487  SAQIFIEKMTKNDLYLPNEKVLPKHSLLYETFTVYNELTKVKYAT--EGMTRPqFLSADQKQAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_021320964  487  SAQIFIEKMTKNDLYLPNEKVLPKHSLLYETFTVYNELTKVKYAT--EGMTRPqFLSADQKQAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_037581760  487  SAQIFIEKMTKNDLYLPNEKVLPKHSLLYETFTVYNELTKVKYAT--EGMTRPqFLSADQKQAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_004232481  487  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSYVYETFAVYNELTKIKYVN--EQGKSF-FFDANMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  560
WP_009854540  488  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSHVYETYAVYNELTKIKYVN--EQGKES-FFDSNMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  561
WP_012962174  488  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSLVYETYTVYNELTKVKYVN--EQGKSN-FFDANMKQEIFEHVFK--ENR-KVTK  561
WP_039695303  490  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSHVYETYAVYNELTKIKYVN--EQGKES-FFDSNMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  563
WP_014334983  487  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSHVYETFTVYNELTKIKYVN--EQGESF-FFDANMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  560
WP_003099269  487  SARAFIERMTNFDTYLPEEKVLPKHSPLYEMFMVYNELTKVKYQT--EGMKRPvFLSSEDKEEIVNLLFK--KER-KVTV  561
AHY15608      487  SARAFIERMTNFDTYLPEEKVLPKHSPLYEMFMVYNELTKVKYQT--EGMKRPvFLSSEDKEEIVNLLFK--KER-KVTV  561
AHY17476      487  SARAFIERMTNFDTYLPEEKVLPKHSPLYEMFMVYNELTKVKYQT--EGMKRPvFLSSEDKEEIVNLLFK--KER-KVTV  561
ESR09100      ---  ------------------------------------------------------------------------------  ---
AGM98575      487  SARAFIERMTNFDTYLPEEKVLPKHSPLYEMFMVYNELTKVKYQT--EGMKRPvFLSSEDKEEIVNLLFK--KER-KVTV  561
ALF27331      487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPRHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_018372492  500  SASRFIERMTLHDLYLPDEKVLPRHSLIYEKYTVFNELTKVRFTP--EGGKEV-YFSKTDKENIFDSLFK--RYR-KVTK  573
WP_045618028  488  SAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKQQIVTQLFK--EKR-KVTE  562
WP_045635197  487  SAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKKQIVNQLFK--ENR-KVTE  561
WP_002263549  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002263887  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELIKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002264920  487  SVEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002269043  487  SVEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
```

【数１００】

```
WP_002269448  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002271977  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002272766  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002273241  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002275430  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002276448  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002277050  487  SAQAFIEHMTNNDLYLPNEKVLPKHSPLYEKYTVYNELTKIKYVT--EIGEAK-FFDANLKQEIFDGLFK--HER-KVTK  560
WP_002277364  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002279025  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGETA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002279859  487  SVEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002280230  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002281696  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002282247  487  SAQAFIEHMTNNDLYLPNEKVLPKHSPLYEKYTVYNELTKIKYVT--EIGEAK-FFDANLKQEIFDGLFK--HER-KVTK  560
WP_002282906  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002283846  487  SVEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002287255  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002288990  487  SVEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002289641  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002290427  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002295753  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002296423  487  SVEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002304487  497  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSLLYETFTVYNELTKVKYVN--EQGEAK-FFDANMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  570
WP_002305844  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002307203  487  SVEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002310390  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_002352408  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_012997688  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_014677909  487  SVEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_019312892  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_019313659  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_019314093  487  SVEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_019315370  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_019803776  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_019805234  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_024783594  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_024784288  487  SAQAFIEHMTNNDLYLPNEKVLPKHSPLYEKYTVYNELTKIKYVT--EIGEAK-FFDANLKQEIFDGLFK--HER-KVTK  560
WP_024784666  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_024784894  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_024786433  487  SAQAFIEHMTNNDLYLPNEKVLPKHSPLYEKYTVYNELTKIKYVT--EIGEAK-FFDANLKQEIFDGLFK--HER-KVTK  560
```

【数１０１】

```
WP_049473442  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_049474547  487  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
EMC03581      480  SAEAFINRMTNYDLYLPNQKVLPKHSLLYEKFTVYNELTKVKYKT--EQGKTA-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  553
WP_000428612  488  SAESFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSRQKKDIFYTLFKaeDKR-KVTE  564
WP_000428613  488  SAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKKQIVTQLFK--EKR-KVTE  562
WP_049523028  487  SAEDFIHRMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFTVYNELTKVKYIA--EGMKDYqFLDSGQKKQIVNQLFK--EKR-KVTE  561
WP_003107102  456  SAKVFIERMTNFDTYLPEEKVLPKHSLLYEMFTVYNELTKVKYQA--EGMRKPeFLSSEEKIEIVSNLFK--TER-KVTV  530
WP_054279288  489  SAQAFIERMTNFDEYLPQEKVLPKHSLTYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMTKPeFLSAGQKEQIVELLFK--KYR-KVTV  563
WP_049531101  488  SAEAFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKKKIINQLFK--EKR-KVTE  562
WP_049538452  488  SAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKKQIVNQLFK--EKR-KVTE  562
WP_049549711  488  SAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKKQIVNQLFK--EKR-KVTE  562
WP_007896501  490  SAQAFIEGMTNYDTYLPEEKVLPKHSPLYEMFTVYNELTKVKYIA--ENMTKP1YLSAEQKEAIIDHLFK--QTR-KVTV  564
EFR44625      442  SAQAFIEGMTNYDTYLPEEKVLPKHSPLYEMFTVYNELTKVKYIA--ENMTKP1YLSAEQKEAIIDHLFK--QTR-KVTV  516
WP_002897477  487  SAEDFIHRMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKKQIVNQLFK--EKR-KVTE  561
WP_002906454  487  SAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKKQIVNQLFK--DKR-KVTE  561
WP_009729476  488  SAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFLDSGQKKQIVTQLFK--EKR-KVTE  562
CQR24647      488  SAQAFIERMTNNDLYLPDQKVLPKHSLLYQKFAVYNELTKIKYVT--ETGEAR-LFDVFLKKEIFDGLFK--KER-KVTK  561
WP_000066813  488  SAEDFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLTRYqFLDKKQKKDIFDTFFKaeNKR-KVTE  564
WP_009754323  488  SAESFINKMTNYDLYLPEEKVLPKHSLLYETFAVYNELTKVKFIA--EGLRDYqFFDSGQKKQIVNQLFK--EKR-KVTE  562
WP_044674937  487  SAENFITRMTNYDQYLPDQKVLPKHSLLYEKFAVYNELTKVKFIA--EGMRDYqFLDSGQKKDIVKTLFK--TKR-KVTA  561
WP_044676715  487  SAENFITRMTNYDQYLPDQKVLPKHSLLYEKFAVYNELTKVRYVT--EQGKSF-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_044680361  487  SAENFITRMTNYDQYLPDQKVLPKHSLLYEKFAVYNELTKVRYVT--EQGKSF-FFDANMKQEIFDGVFK--VYR-KVTK  560
WP_044681799  487  SAENFITRMTNYDQYLPDQKVLPKHSLLYEKFAVYNELTKVKFIA--EGMRDYqFLDSGQKKDIVKTLFK--TKR-KVTA  561
WP_049533112  487  SAEKFITRMTLNDLYLPEEKVLPKHSLLYETFTVYNELTKVKYVN--EQGEAK-FFDANMKQEIFDHVFK--ENR-KVTK  560
WP_029090905  472  SSEAFIKRMTNKCTYLIHEDVIPKHSFSYAKFEVLNELNKIRLDG-------KP--IDIPLKKRIFEGLFL---EKtKVTQ  540
WP_006506696  499  TAEGFIKRMRSYCTYFPDEEVLPKNSLIVSKYEVYNELNKIRVDD-------kLLEVDVKNDIYNELFM--KNK-TVTE  567
AIT42264      487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_034440723  494  SAELFIENLTSRDTYLPDEPVLPKRSLIYQKFTIFNELTKISYID--ERGILQ-NFSSREKIAIFNDLFK---NKsKVTK  567
AKQ21048      487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
WP_004636532  489  SAEKFIERMTNMDTYLLEEKVLPKRSLLYQTFEVYNELTKVRYTN--EQGKTE-KLNRQQKAEIIETLFK-qKNR--VRE  562
WP_002364836  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_016631044  447  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  520
EMS75795      232  SAMKFIQRMINYDTYLPTEKVLPKHSILYQKYTIFNELTKVAYKD--ERGIKH-QFSSKEKREIFKELFQ--KQR-KVTV  305
WP_002373311  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_002378009  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_002407324  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_002413717  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_010775580  498  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  571
WP_010818269  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
```

【数１０２】

```
WP_010824395  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_016622645  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_033624816  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_033625576  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_033789179  496  SATAFIERMTNFDTYLPSEKVLPKHSLLYEKFMVFNELTKISYTD--DRGIKA-NFSGKEKEKIFDYLFK--TRR-KVKK  569
WP_002310644  493  SAVRFIERMINTDMYMPHNKVLPKNSLLYQKFSIYNELTKVRYQD--ERGQMN-YFSSIEKKEIFHELFE--KNR-KVTK  566
WP_002312694  494  SAVRFIERMINTDMYMPHNKVLPKNSLLYQKFSIYNELTKVRYQD--ERGQMN-YFSSIEKKEIFHELFE--KNR-KVTK  567
WP_002314015  494  SAVRFIERMNNTDMYIPHNKVLPKNSLLYQKFSIYNELTKVRYQD--ERGQMN-YFSSIEKKEIFHELFE--KNR-KVTK  567
WP_002320716  494  SAVRFIERMINTDMYIPHNKVLPKNSLLYQKFSIYNELTKVRYQD--ERGQMN-YFSSIEKKEIFHELFE--KNR-KVTK  567
WP_002330729  493  SAVRFIERMINTDMYIPHNKVLPKNSLLYQKFSIYNELTKVRYQD--ERGQMN-YFSSIEKKEIFHELFE--KNR-KVTK  566
WP_002335161  494  SAVRFIERMINTDMYMPHNKVLPKNSLLYQKFSIYNELTKVRYQD--ERGQMN-YFSSIEKKEIFHELFE--KNR-KVTK  567
WP_002345439  494  SAVRFIERMINTDMYIPHNKVLPKNSLLYQKFSIYNELTKVRYQD--ERGQMN-YFSSIEKKEIFHELFE--KNR-KVTK  567
WP_034867970  487  SAMRFIQRMTKQDTYLPTEKVLPKNSLLYQKYMIFNELTKVSYKD--ERGVKQ-YFSGDEKQQIFKQLFQ--KERgKITV  561
WP_047937432  494  SAVRFIERMINTDMYMPHNKVLPKNSLLYQKFSIYNELTKVRYQD--ERGQMN-YFSSIEKKEIFHELFE--KNR-KVTK  567
WP_010720994  487  SAMRFIQRMTKQDTYLPTEKVLPKNSLFYQKYMIFNELTKVSYKD--ERGVKQ-YFSGDEKQQIFKQLFQ--KERgKITV  561
WP_010737004  487  SAMRFIQRMTKQDTYLPTEKVLPKNSLLYQKYMIFNELTKVSYKD--ERGVKQ-YFSGDEKQQIFKQLFQ--KERgKITV  561
WP_034700478  487  SAMRFIQRMTKQDTYLPTEKVLPKNSLLYQKYMIFNELTKVSYKD--ERGVKQ-YFSGDEKQQIFKQLFQ--KERgKITV  561
WP_007209003  491  SAVAFIERMTIKDIYL-NENVLPRHSLIYEKFTVFNELTKVLYAD--DRGVFQ-RFSAEEKEDIFEKLFK--SER-KVTK  563
WP_023519017  486  SAIEFIERMTNQDTYLPKEKVLPKQSLIYQRFMIFNELTKVSYTD--ERGKSH-YFSSEQKRKIFNELFK--QHP-RVTE  559
WP_010770040  490  SATKFIERMTNFDTYLPTEKVLPKHSMIYEKYMVYNELTKVSYVD--ERGMNQ-RFSGEEKKQIVEELFK--QSR-KVTK  563
WP_048604708  486  SAELFIERMTNFDLYLPSEKVLPKHSMLYEKYTVYNELTKVTYKD--EQGKVQ-NFSSEEKERIFIDLFK--QHR-KVTK  559
WP_010750235  487  SATKFIQRMINYDTYLPTEKVLPKYSMLYQKYTIFNELTKVAYKD--DRGIKH-QFSSEEKLRIFQELFK--KQR-RVTK  560
AII16583      526  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  600
WP_029073316  507  TADEFIKRMRNFCTYFPDEPVLAKNSLTVSKYEVLNEINKLRIND--------hLIKRDIKDKMLHTLFM--DHK-SISA  575
WP_031589969  507  TADEFIKRMRNFCTYFPDEPVMAKNSLTVSKYEVLNEINKLRIND--------hLIKRDMKDKMLHTLFM--DHK-SISA  575
KDA45870      485  SAEDFIKRMTINDLYLPTEPVLPKHSLLYERYTIFNELAGVRYVT--ENGEAK-YFDAQTKRSIFE-LFKl--DR-KVSE  557
WP_039099354  510  SANEFIKRMTTTDTYLLAEDVLPKQSLIYQRFEVLNELNGLKIDD--QPITTE------LKQAIFTDLFM---QKtSVTV  578
AKP02966      484  SSNKFIRRMTVTDSYLVGEPVLPKNSLIYQRYEVLNELNNIRITEnlKTNPTGsRLTVETKQHIYNELFK--NYK-KITV  560
WP_010991369  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYLVYNELTKVRYIN--DQGKTS-YFSGQEKEQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
WP_033838504  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYLVYNELTKVRYIN--DQGKTS-YFSGQEKEQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
EHN60060      496  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYLVYNELTKVRYIN--DQGKTS-YFSGQEKEQIFNDLFK--QKR-KVKK  569
EFR89594      262  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYLVYNELTKVRYIN--DQGKTS-YFSGQEKEQIFNDLFK--QKR-KVKK  335
WP_038409211  493  SAIDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKIRYID--DQGKTH-HFSGQEKQQIFNGLFK--QQR-KVKK  566
EFR95520      112  SAIDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKIRYID--DQGKTH-HFSGQEKQQIFNGLFK--QQR-KVKK  185
WP_003723650  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKIRYID--DQGKTN-YFSGREKQQVFNDLFK--QKR-KVKK  566
WP_003727705  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKIRYID--DQGKTN-YFSGREKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
WP_003730785  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKIRYID--DQGKTN-YFSGREKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
WP_003733029  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKVRYID--DQGKTN-YFSGQEKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
WP_003739838  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLYYQKYMVYNELTKVRYID--DQGKTN-YFSGQEKQQIFNDYFK--QKR-KVSK  566
```

【数１０３】

```
WP_014601172  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKVRYID--DQGKTN-YFSGQEKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
WP_023548323  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKIRYID--DQGKTN-YFSGQEKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
WP_031665337  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKVRYID--DQGKTN-YFSGQEKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
WP_031669209  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKVRYID--DQGKTN-YFSGQEKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
WP_033920898  493  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKIRYID--DQGKTN-YFSGQEKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
AKI42028      496  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKVRYID--DQGKTN-YFSGQEKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  569
AKI50529      496  SAVDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSLCYQKYMVYNELTKIRYID--DQGKTN-YFSGQEKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  569
EFR83390      1    ------------------------------------------------IFNDLFK--QKR-KVKK  14
WP_046323366  493  SAIDFIEKMTNKDTYLPKENVLPKHSMCYQKYMVYNELTKIRYTD--DQGKTH-YFSGQEKQQIFNDLFK--QKR-KVKK  566
AKE81011      503  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  577
CUO82355      503  TAEGFIKRMRSYCTYFPDEEVLPKNSLIVSKYEVYNELNKIRVDD----------kLLEVDVKNDIYNELFM--KNK-TVTE  571
WP_033162887  504  TAEGFIERMKNTGTYFPDEPVMAKNSLTVSKFEVLNELNKIRING----------kLIAVETKKELLSDLFM--KNK-TITD  572
AGZ01981      520  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  594
AKA60242      487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
AKS40380      487  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  561
4UN5_B        491  SAQSFIERMTNFDKNLPNEKVLPKHSLLYEYFTVYNELTKVKYVT--EGMRKPaFLSGEQKKAIVDLLFK--TNR-KVTV  565
```

【数１０４】

```
WP_010922251  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_039695303  564  EKLLNYLNKE--FPEYRIKDLIGLDKEnkSFNASLGTYHDLKKIL-DK  AFLDDKVNEEVIEDIIKTLTLFEDKDMIH  637
WP_045635197  562  KDIIHYLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  EFMDDAKNEAILENIVHTLTIFEDREMIK  632
5AXW_A        300  KQIAKEILVNe--EDIKGYRVTSTGKPe---FTNLKVYHDIKDITARK  ------ENAELLDQIAKILTIYQSSEDIQ  368
WP_009880683  246  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  317
WP_010922251  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_011054416  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_011284745  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_011285506  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_011527619  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_012560673  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_014407541  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGAYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDRGMIE  633
WP_020905136  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_023080005  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNTSLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_023610282  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNTSLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_030125963  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_030126706  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_031488318  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_032460140  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_032461047  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_032462016  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_032462936  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_032464890  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_033888930  387  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  458
WP_038431314  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_038432938  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNTSLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_038434062  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
BAQ51233      473  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  544
KGE60162           ----------------------------------------------  ----------------------------------------
KGE60856           ----------------------------------------------  ----------------------------------------
WP_002989955  562  ----------IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_003030002  561  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_003065552  564  DKLLNYLNKE--FEEFRIVNLTGLDKEnkAFNSSLGTYHDLRKIL-DK  SFLDDKANEKTIEDIIQTLTLFEDREMIR  634
WP_001040076  563  EKLLNYLNKE--FPEYRIKDLIGLDKEnkSFNASLGTYHDLKKIL-DK  AFLDDKVNEEVIEDIIKTLTLFEDKDMIH  637
WP_001040078  562  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIK  632
WP_001040080  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040081  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040083  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIIQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040085  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
```

【数１０５】

```
WP_001040087  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040088  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040089  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040090  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040091  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040092  562  KQLLDFLAKE--FEEFRIVDVTGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTITLFEDREMIK  635
WP_001040094  563  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIR  632
WP_001040095  563  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIR  632
WP_001040096  563  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIR  632
WP_001040097  563  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIR  632
WP_001040098  563  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIR  632
WP_001040099  563  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIR  632
WP_001040100  563  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIR  632
WP_001040104  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040105  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040106  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040107  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040108  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040109  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_001040110  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_015058523  562  KQLLDFLAKE--FEEFRIVDVTGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTITLFEDREMIK  635
WP_017643650  563  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIR  632
WP_017647151  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_017648376  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_017649527  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_017771611  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_017771984  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
CFQ25032      562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
CFV16040      562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
KLJ37842      562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
KLL72361      562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
KLL20707      562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
KLL42645      562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_047207273  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_047209694  563  KDIISFLNK---VDGYEGIAIKGIEKQ---FNASLSTYHDLKKIL-GK  DFLDNTDNELILEDIVQTLTLFEDREMIR  632
WP_050198062  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_050201642  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_050204027  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_050881965  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
```

【数１０６】

```
WP_050886065  562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
AHN30376      562  KQLLDFLAKE--FEEFRIVDVTGLDKEnkAFNASLGTYHDLKKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTITLFEDREMIK  635
EAO78426      562  KKLLDFLAKE--YEEFRIVDVIGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-DK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
CCW42055      562  KQLLDFLAKE--FEEFRIVDVTGLDKEnkAFNASLGTYHDLEKIL-GK  DFLDNPDNESILEDIVQTLTLFEDREMIK  635
WP_003041502  561  DKLLNYLNKE--FEEFRIVNLTGLDKEnkVFNSSLGTYHDLRKIL-NK  SFLDNKENAQIIEDIIQTLTLFEDREMIR  634
WP_037593752  562  DKLLNYLNKE--FEEFRIVNLTGLDKEnkAFNSSLGTYHDLRKIL-DK  SFLDDKANEKTIEDIIQTLTLFEDREMIR  635
WP_049516684  562  DKLLNYLNKE--FEEFRIVNLTGLDKEnkAFNASLGTYHDLRKIL-DK  SFLDDKVNEKIIEDIIQTLTLFEDREMIR  635
GAD46167      561  DKLLNYLNKE--FEEFRIVNLTGLDKEnkAFNSSLGTYHDLRKIL-DK  SFLDDKANEKTIEDIIQTLTLFEDREMIR  634
WP_018363470  562  EKLLNYLDKE--FPEYRIQDLVGLDKEnkSFNASLGTYHDLKKIL-DK  SFLDDKVNEEVIEDIIKTLTLFEDREMIQ  635
WP_003043819  572  KQLKEDYFKK--IECFDSVEIIGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  643
WP_006269658  561  DKLLNYLNKE--FEEFRIVNLTGLDKEnkAFNSSLGTYHDLRKIL-DK  SFLDDKANEKTIEDIIQTLTLFEDREMIR  634
WP_048800889  561  DKLLNYLDKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASLGTYHDLRKIL-DK  SFLDDKANEKTIEDIIQTLTLFEDREMIR  634
WP_012767106  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_014612333  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_015017095  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_015057649  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_048327215  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_049519324  562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDKEMIE  633
WP_012515931  562  KQLKENYFKK--IECWDSVEITGVEDS---FNASLGTYHDLLKIIQDK  DFLDNPDNQKIIEDIILTLTLFEDKKMIS  633
WP_021320964  562  KQLKENYFKK--IECWDSVEITGVEDS---FNASLGTYHDLLKIIQDK  DFLDNPDNQKIIEDIILTLTLFEDKKMIS  633
WP_037581760  562  KQLKENYFKK--IECWDSVEITGVEDS---FNASLGTYHDLLKIIQDK  DFLDNPDNQKIIEDIILTLTLFEDKKMIS  633
WP_004232481  561  AKLLSYLNNE--FEEFRINDLIGLDKDskSFNASLGTYHDLKKIL-DK  SFLDDKTNEQIIEDIVLTLTLFEDRDMIH  634
WP_009854540  562  EKLLNYLNKE--FPEYRIKDLIGLDKEnkSFNASLGTYHDLKKIL-DK  AFLDDKVNEEVIEDIIKTLTLFEDKDMIH  635
WP_012962174  562  DKFLNYLNKE--FPEYRIQDLIGLDKEnkSFNASLGTYHDLKKIL-DK  SFLDDKTNETIIEDIIQTLTLFEDRDMIR  635
WP_039695303  564  EKLLNYLNKE--FPEYRIKDLIGLDKEnkSFNASLGTYHDLKKIL-DK  AFLDDKVNEEVIEDIIKTLTLFEDKDMIH  637
WP_014334983  561  AKLLSYLNNE--FEEFRINDLIGLDKDskSFNASLGTYHDLKKIL-DK  SFLDDKTNGQIIEDIVLTLTLFEDRDMIH  634
WP_003099269  562  KQLKEEYFSK--MKCFHTVTILGVEDR---FNASLGTYHDLLKIFKDK  AFLDDEANQDILEEIVWTLTLFEDQAMIE  633
AHY15608      562  KQLKEEYFSK--MKCFHTVTILGVEDR---FNASLGTYHDLLKIFKDK  AFLDDEANQDILEEIVWTLTLFEDQAMIE  633
AHY17476      562  KQLKEEYFSK--MKCFHTVTILGVEDR---FNASLGTYHDLLKIFKDK  AFLDDEANQDILEEIVWTLTLFEDQAMIE  633
ESR09100      ---  ------------------------------------------------  ------------------------------  ---
AGM98575      562  KQLKEEYFSK--MKCFHTVTILGVEDR---FNASLGTYHDLLKIFKDK  AFLDDEANQDILEEIVWTLTLFEDQAMIE  633
ALF27331      561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_018372492  574  RKLKDFIEKElgYGYIDIDNIKGVEEQ---FNASYTTYQDLLKIIGDK  EFLDNEENKDLLEEIYIYLTVFEDRKMIE  647
WP_045618028  563  KDIIQYLHN---VDSYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  EFMDDSKNEAILENIVHTLTIFEDREMIK  633
WP_045635197  562  KDIIHYLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  EFMDDAKNEAILENIVHTLTIFEDREMIK  632
WP_002263549  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002263887  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002264920  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002269043  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
```

【数１０７】

```
WP_002269448  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002271977  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002272766  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002273241  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002275430  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002276448  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002277050  561  KKLRTFLDKN--FDEFRIVDIQGLDKEteTFNASYATYQDLLKVIKDK  VFMDNPENAEILENIVLTLTLFEDREMIK  635
WP_002277364  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002279025  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002279859  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002280230  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002281696  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002282247  561  KKLRTFLDKN--FDEFRIVDIQGLDKEteTFNASYATYQDLLKVIKDK  VFMDNPENAEILENIVLTLTLFEDREMIK  635
WP_002282906  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002283846  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002287255  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002288990  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002289641  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002290427  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002295753  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002296423  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002304487  571  DKLLNYLNKE--FEEFRIVNLTGLDKEnkVFNSSLGTYHDLRKIL-NK  SFLDNKENEQIIEDIIQTLTLFEDREMIR  644
WP_002305844  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002307203  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002310390  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_002352408  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_012997688  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_014677909  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_019312892  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_019313659  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_019314093  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_019315370  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_019803776  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_019805234  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_024783594  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_024784288  561  KKLRTFLDKN--FDEFRIVDIQGLDKEteTFNASYATYQDLLKVIKDK  VFMDNPENAEILENIVLTLTLFEDREMIK  635
WP_024784666  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_024784894  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_024786433  561  KKLRTFLDKN--FDEFRIVDIQGLDKEteTFNASYATYQDLLKVIKDK  VFMDNPENAEILENIVLTLTLFEDREMIK  635
```

【数１０８】

```
WP_049473442  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
WP_049474547  561  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNASYGTYHDLCKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  634
EMC03581      554  DKLMDFLEKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkAFNASYGTYHDLRKIL-DK  DFLDNSKNEKILEDIVLTLTLFEDREMIR  627
WP_000428612  565  KDIIQYLHT---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  EFMDDPNNEEILENIVHTLTIFEDREMIK  635
WP_000428613  563  KDIIQFLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  EFMDDSKNEEILENIVHTLTIFEDREMIK  633
WP_049523028  562  KDIIHYLHN---VDGYDGIELKGIEKH---FNSSLSTYHDLLKIIKDK  EFMDDPKNEEIFENIVHTLTIFEDRVMIK  632
WP_003107102  531  KQLKENYFNK--IRCLDSITISGVEDK---FNASLGTYHDLLNIIKNQ  KILDDEQNQDSLEDIVLTLTLFEDEKMIA  602
WP_054279288  564  KQLKEDFFSK--IECFDTVDISGVEDK---FNASLGTYHDLLKIIKDK  AFLDNSENENIIEDILTLTLFEDKEMIA  635
WP_049531101  563  KDLIHYLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  RFMDEPKNQEILENIVHTLTIFEDREMIK  633
WP_049538452  563  KDIIQYLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  EFMDDSKNEEILENIVHTLTIFEDREMIK  633
WP_049549711  563  KDIIHYLHT---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  EFMDDSKNEAILENIVHTLTIFEDREMIK  633
WP_007896501  565  KDLKEKYFSQ--IEGLENVDVTGVEGA---FNASLGTYNDLLKIIKDK  AFLDDEANAEILEEIVLILTLFQDEKLIE  636
EFR44625      517  KDLKEKYFSQ--IEGLENVDVTGVEGA---FNASLGTYNDLLKIIKDK  AFLDDEANAEILEEIVLILTLFQDEKLIE  588
WP_002897477  562  KDIIHYLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNANLSTYHDLLKITKDK  EFMDDPKNEEILENIVHTLTIFEDREMIK  632
WP_002906454  562  KDIIHYLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  EFMDNPKNGEILENIIHTLTIFEDREMIK  632
WP_009729476  563  KDIIQFLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  AFMDDAKNEAILENIVHTLTIFEDREMIK  633
CQR24647      562  KKIINFLDKN--FDEFRITDIQGLDNEtgNFNASYGTYHDLLKIIGDK  EFMDSSDNVDVLEDIVLSLTLFEDREMIK  636
WP_000066813  565  KDIIHYLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  AFMDDSKNEEILENIIHTLTIFEDREMIK  635
WP_009754323  563  KDIIHYLHN---VDGYDGIELKGIEKQ---FNASLSTYHDLLKIIKDK  EFMDNHKNQEILENIVHTLTIFEDREMIK  633
WP_044674937  562  KDIKAYIL-EN--SNGYAGVELKGLEEQ---FNASLPTYHDLLKIIRDK  AFIDAEENQEILEDIVLTLTLFEDREMIR  632
WP_044676715  561  EKLMDFLGKE--FDEFRIVDLLGLDKDnksFNASLGTYHDLKKIV-SK  DLLDNPENEDILENVVLTLTLFEDREMIR  634
WP_044680361  561  EKLMDFLGKE--FDEFRIVDLLGLDKDnksFNASLGTYHDLKKIV-SK  DLLDNPENEDILENVVLTLTLFEDREMIR  634
WP_044681799  562  KDIKAYIL-EN--SNGYAGVELKGLEEQ---FNASLPTYHDLLKILRDK  AFIDAEENQEILEDIVLTLTLFEDREMIR  632
WP_049533112  561  DKLLNYLGKE--FDEFRIVDLTGLDKEnkVFNSSLGTYHDLRKIL-DK  SFLDNKENEQIIEDIIQTLTLFEDREMIR  634
WP_029090905  541  TSLKKWLAEH---EHMTVSVVQGTQKEt-EFATSLQAFHRFVKIF-DR  ETVSNPANEEMFEKIIYWSTVFEDKKIMR  612
WP_006506696  568  KKLKNWLVNNqcCS--KDAEIKGFQKEn-QFSTSLTPWIDFTNIFGKI  ----DQSNFDLIENIIYDLTVFEDKKIMK  637
AIT42264      562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_034440723  568  NQLVKYIENK---EQIIAPEIKGIEDS---FNSNYSTYIDLSKIPDMK  --LLEKDEDEILEEIIKILTIFEDRKMRK  637
AKQ21048      562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
WP_004636532  563  KDIANYLEQ---YGYVDGTDIKGVEDK---FNASLSTYNDLAKIDGAK  AYLDDPEYADVWEDIIKILTIFEDKAMRK  633
WP_002364836  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_016631044  521  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  592
EMS75795      306  KKLQQFLSAN--YN-IEDAEILGVDKA---FNSSYATYHDFLDLAKPN  ELLEQPEMNAMFEDIVKILTIFEDREMIR  381
WP_002373311  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_002378009  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_002407324  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_002413717  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_010775580  572  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  643
WP_010818269  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
```

【数１０９】

```
WP_010824395  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_016622645  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_033624816  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_033625576  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_033789179  570  KDIIQFYRNE--YN-TEIVTLSGLEED--QFNASFSTYQDLLKCGLTR  AELDHPDNAEKLEDIIKILTIFEDRQRIR  641
WP_002310644  567  KDLQEFLYLK--YD-IKHAELSGIEKA---FNASYTTYHDFLTMSENK  QWLEDPELASMFEEIIKTLTVFEDREMIK  641
WP_002312694  568  KDLQEFLYLK--YD-IKHAELSGIEKA---FNASYTTYHDFLTMSENK  QWLEDPELASMFEEIIKTLTVFEDREMIK  642
WP_002314015  568  KDLQEFLYLK--YD-IKHAELSGIEKA---FNASYTTYHDFLTMSENK  QWLEDPELASMFEEIIKTLTVFEDREMIK  642
WP_002320716  568  KDLQEFLYLK--YD-IKHAELSGIEKA---FNASYTTYHDFLTMSENK  QWLEDPELASMFEEIIKTLTVFEDREMIK  642
WP_002330729  567  KDLQEFLYLK--YD-IKHAELSGIEKA---FNASYTTYHDFLTMSENK  QWLEDPELASMFEEIIKTLTVFEDREMIK  641
WP_002335161  568  KDLQEFLYLK--YD-IKHAELSGIEKA---FNASYTTYHDFLTMSENK  QWLEDPELASMFEEIIKTLTVFEDREMIK  642
WP_002345439  568  KDLQEFLYLK--YD-IKHAELSGIEKA---FNASYTTYHDFLTMSENK  QWLEDPELASMFEEIIKTLTVFEDREMIK  642
WP_034867970  562  KKLQNFLYTH--YH-IENAQIFGIEKA---FNASYSTYHDFMKLAKTN  EWLEQPEMEPIFEDIVKILTIFEDRQMIK  637
WP_047937432  568  KDLQEFLYLK--YD-IKHAELSGIEKA---FNASYTTYHDFLTMSENK  QWLEDPELASMFEEIIKTLTVFEDREMIK  642
WP_010720994  562  KKLQNFLYTH--YH-IENAQIFGIEKA---FNASYSTYHDFMKLAKTN  EWLEQPEMEPIFEDIVKILTIFEDRQMIK  637
WP_010737004  562  KKLQNFLYTH--YH-IENAQIFGIEKA---FNASYSTYHDFMKLAKTN  EWLEQPEMEPIFEDIVKILTIFEDRQMIK  637
WP_034700478  562  KKLQNFLYTH--YH-IENAQIFGIEKA---FNASYSTYHDFMKLAKTN  EWLEQPEMEPIFEDIVKILTIFEDRQMIK  637
WP_007209003  564  KKLENYLRIEl---SISSPSVKGIEEQ---FNANFGTYLDLKKFDELH  PYLDDEKYQDTLEEVIKVLTVFEDRSMIQ  634
WP_023519017  560  KQLRKFLELN--EQ-IDSTEIKGIETS---FNASYSTYHDLLKLS---  TLLDDPDMTTMFEEIIKILTIFEDREMIR  631
WP_010770040  564  KLLEKFLSNE--FG-LVDVAIKGIE-T--SFNAGYGTYHDFLKIGITR  EQLDKEENSETLEEIVKILTVFEDRKMIR  634
WP_048604708  560  KDLSNFLRNE--YN-LDDVIIDGIE-N--KFNASFNTYHDFLKLKIDP  KVLDDPANEPMFEEIVKILTIFEDRKMLR  630
WP_010750235  561  KKLQHFLSAN--YN-IEDAEILGVDKV---FNSSYATYHDFLELAKPY  ELLEQPEMEEMFEDIVKIITIFEDREMVR  636
AII16583      601  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  672
WP_029073316  576  NAMKKWLVKNqyFSNTDDIKIEGFQKEn-ACSTSLTPWIDFTKIFGEI  ----NNSNYELIEKIIYDVTVFEDKKILR  647
WP_031589969  576  NAMKKWLVKNqyFSNTDDIKIEGFQKEn-ACSTSLTPWIDFTKIFGKI  ----NESNYDFIEKIIYDVTVFEDKKILR  647
KDA45870      558  KMVIKHLKVV--MPAIRIQALKGLDNGk--FNASYGTYKDLVDMGVAP  ELLNDEVNSEKWEDIIKTLTIFEGRKLIK  630
WP_039099354  579  KNIQDYLVSEk--RYASRPAITGLSDEnk-FNSRLSTYHDLKTIVGDA  --VDDVDKQADLEKCIEWSTIFEDGKIYS  650
AKP02966      561  KKLTKWLIAQg---YYKNPILIGLSQKd-EFNSTLTTYLDMKKIFGSS  -FMENNKNYNQIEELIEWLTIFEDKQILN  632
WP_010991369  567  KDLELFLRNM--SH-VESPTIEGLE-D--SFNSSYSTYHDLLKVGIKQ  EILDNPVNTEMLENIVKILTVFEDKRMIK  637
WP_033838504  567  KDLELFLRNM--SH-VESPTIEGLE-D--SFNSSYSTYHDLLKVGIKQ  EILDNPVNTEMLENIVKILTVFEDKRMIK  637
EHN60060      570  KDLELFLRNM--SH-VESPTIEGLE-D--SFNSSYSTYHDLLKVGIKQ  EILDNPVNTEMLENIVKILTVFEDKRMIK  640
EFR89594      336  KDLELFLRNM--SH-VESPTIEGLE-D--SFNSSYSTYHDLLKVGIKQ  EILDNPVNTEMLENIVKILTVFEDKRMIK  406
WP_038409211  567  KDLERFLYTI--NH-IESPTIEGVE-D--AFNSSFATYHDLQKGGVTQ  EILDNPLNADMLEEIVKILTVFEDKRMIK  637
EFR95520      186  KDLERFLYTI--NH-IESPTIEGVE-D--AFNSSFATYHDLQKGGVTQ  EILDNPLNADMLEEIVKILTVFEDKRMIK  256
WP_003723650  567  KDLELFLRNI--NH-IESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLLKVGMKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKPMIK  637
WP_003727705  567  KDLELFLRNI--NH-IESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLLKVGLKQ  EILDNPLNTEILEDIVKILTVFEDKRMIK  637
WP_003730785  567  KDLELFLRNI--NH-IESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLLKVGLKQ  EILDNPLNTEILEDIVKILTVFEDKRMIK  637
WP_003733029  567  KDLELFLRNI--NQ-IESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLLKVGMKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKRMIK  637
WP_003739838  567  KDLEQFLRNM--SH-IESPTIEGLE-D--SFNSSYATYHDLLKVGIKQ  EVLENPLNTEMLEDIVKILTVFEDKRMIK  637
```

【数１１０】

```
WP_014601172  567  KDLELFLRNI--NH-IESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLLKVGMKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKPMIK  637
WP_023548323  567  KDLELFLRNI--NH-VESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLMKVGIKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKRMIK  637
WP_031665337  567  KDLELFLRNI--NQ-IESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLLKVGMKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKRMIK  637
WP_031669209  567  KDLELFLRNI--NQ-IESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLLKVGMKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKRMIK  637
WP_033920898  567  KDLELFLRNI--NH-VESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLMKVGIKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKRMIK  637
AKI42028      570  KDLELFLRNI--NH-IESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLLKVGMKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKPMIK  640
AKI50529      570  KDLELFLRNI--NH-VESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLMKVGIKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKRMIK  640
EFR83390      15   KDLELFLRNI--NQ-IESPTIEGLE-D--SFNASYATYHDLLKVGMKQ  EILDNPLNTEMLEDIVKILTVFEDKRMIK  85
WP_046323366  567  KDLELFLYNM--NH-VESPTVEGVE-D--AFNSSFTTYHDLQKVGVPQ  EILDDPLNTEMLEEIIKILTVFEDKRMIN  637
AKE81011      578  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  649
CUO82355      572  KKLKNWLVNNqcCR--KDAEIKGFQKEn-QFSTSLTPWIDFTNIFGKI  ----DQSNFDLIEKIIYDLTVFEDKKIMK  641
WP_033162887  573  KKLKDWLVTHqyYDINEELKIEGYQKDl-QFSTSLAPWIDFTKIFGEI  ----NASNYQLIEKIIYDISIFEDKKILK  644
AGZ01981      595  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  666
AKA60242      562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
AKS40380      562  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  633
4UN5_B        566  KQLKEDYFKK--IECFDSVEISGVEDR---FNASLGTYHDLLKIIKDK  DFLDNEENEDILEDIVLTLTLFEDREMIE  637
```

【数１１１】

```
WP_010922251  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_039695303  638  ERLQKYSDIFTANQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENNKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLINDDTL  706
WP_045635197  633  QRLAQYDSLFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGICDK  QTGNTILDYLI  DDG---KINRNFMQLINDDGL  701
5AXW_A        369  EELTNLNSELTQEEIEQISNlKGYTGTHNLSLKAINLILDE  ----------LW  ------TNDNQIAIFNRLKL  426
WP_009880683  318  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  386
WP_010922251  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_011054416  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_011284745  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_011285506  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_011527619  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTVWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_012560673  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_014407541  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_020905136  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_023080005  634  ERLKKYANLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLINDDSL  702
WP_023610282  634  ERLKKYANLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLINDDSL  702
WP_030125963  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_030126706  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_031488318  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_032460140  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_032461047  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_032462016  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_032462936  634  ERLKKYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_032464890  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_033888930  459  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  527
WP_038431314  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_038432938  634  ERLKKYANLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLINDDSL  702
WP_038434062  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
BAQ51233      545  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  613
KGE60162           ----------------------------------------  ----------  ----------------------
KGE60856           ----------------------------------------  ----------  ----------------------
WP_002989955  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_003030002  635  QRLQKYSDIFTKAQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENKKTILDYLI  DDG---YANRNFMQLINDDAL  703
WP_003065552  638  ERLQKYSDIFTADQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENNKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLINDDTL  706
WP_001040076  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_001040078  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040080  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040081  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040083  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040085  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
```

【数１１２】

```
WP_001040087  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040088  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040089  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040090  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040091  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040092  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDR  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLINDDGL  704
WP_001040094  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_001040095  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWERLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_001040096  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_001040097  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_001040098  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_001040099  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_001040100  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_001040104  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040105  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_001040106  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLIHDDGL  704
WP_001040107  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLIHDDGL  704
WP_001040108  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLIHDDGL  704
WP_001040109  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLIHDDGL  704
WP_001040110  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLIHDDGL  704
WP_015058523  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDR  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLINDDGL  704
WP_017643650  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_017647151  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---KSNRNFMQLIHDDGL  704
WP_017648376  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---KSNRNFMQLIHDDGL  704
WP_017649527  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_017771611  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLIHDDGL  704
WP_017771984  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
CFQ25032      636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
CFV16040      636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
KLJ37842      636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
KLJ72361      636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
KLL20707      636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  718
KLL42645      636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLIHDDGL  704
WP_047207273  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_047209694  633  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  701
WP_050198062  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_050201642  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
WP_050204027  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  SDG---RANRNFMQLIHDDGL  704
WP_050881965  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
```

【数１１３】

```
WP_050886065  636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
AHN30376      636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDR  ESQKIILDYLI  SDG---RANRNFMQLINDDGL  704
EAO78426      636  KRLENYKDLFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  ESQKTILDYLI  DDG---RSNRNFMQLINDDGL  704
CCW42055      636  KRLDIYKDFFTESQLKKLYR-RHYTGWGRLSAKLINGIRNK  ENQKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLIKDAGL  704
WP_003041502  635  QRLQKYSDIFTKAQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENKKTILDYLI  DDG---YANRNFMQLINDDAL  703
WP_037593752  636  QRLQKYSDIFTKAQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENKKTILDYLI  DDG---YANRNFMQLINDDAL  704
WP_049516684  636  QRLQKYSDIFTTQQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENKKTILDYLI  DDG---YANRNFMQLINDDAL  704
GAD46167      635  QRLQKYSDIFTKAQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENKKTILDYLI  DDG---YANRNFMQLINDDAL  703
WP_018363470  636  QRLQKYSDIFTKQQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENNKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLINDDAL  704
WP_003043819  644  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKMINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---SNRNFMQLIHDDSL  712
WP_006269658  635  QRLQKYSDIFTKAQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENKKTILDYLI  DDG---YANRNFMQLINDDAL  703
WP_048800889  635  QRLQKYSDIFTKAQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENNKTILEYLV  DDG---YANRNFMQLINDDTL  703
WP_012767106  634  ERLKKYANLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLINDDSL  702
WP_014612333  634  ERLKKYANLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLINDDSL  702
WP_015017095  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_015057649  634  ERLKKYANLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLINDDSL  702
WP_048327215  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_049519324  634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RHYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFIQLIHDDSL  702
WP_012515931  634  KRLDQYAHLFDKVVLNKLER-HHYTGWGRLSGKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDSEL  702
WP_021320964  634  KRLDQYAHLFDKVVLNKLER-HHYTGWGRLSGKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDSEL  702
WP_037581760  634  KRLDQYAHLFDKVVLNKLER-HHYTGWGRLSGKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDSEL  702
WP_004232481  635  ERLQKYSDIFTSQQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENNKTILDFLI  DDG---DANRNFMQLINDDSL  703
WP_009854540  636  ERLQKYSDIFTANQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENNKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLINDDTL  704
WP_012962174  636  QRLQKYSDIFTPQQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENGKSILDYLI  DDG---YANRNFMQLISDDTL  704
WP_039695303  638  ERLQKYSDIFTANQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENNKTILDYLI  DDG---SANRNFMQLINDDTL  706
WP_014334983  635  ERLQKYSDFFTSQQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENNKTILDFLI  DDG---HANRNFMQLINDESL  703
WP_003099269  634  RRLVKYADVFEKSVLKKLKK-RHYTGWGRLSQKLINGIKDK  QTGKTILGFLK  -DGv---ANRNFMQLINDSSL  702
AHY15608      634  RRLVKYADVFEKSVLKKLKK-RHYTGWGRLSQKLINGIKDK  QTGKTILGFLK  -DGv---ANRNFMQLINDSSL  702
AHY17476      634  RRLVKYADVFEKSVLKKLKK-RHYTGWGRLSQKLINGIKDK  QTGKTILGFLK  -DGv---ANRNFMQLINDSSL  702
ESR09100      ---  ----------------------------------------  ----------  ----------------------
AGM98575      634  RRLVKYADVFEKSVLKKLKK-RHYTGWGRLSQKLINGIKDK  QTGKTILGFLK  -DGv---ANRNFMQLINDSSL  702
ALF27331      635  KRLENYSDLLTKEQVKNLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_018372492  648  KRLSELNIPFENKIIKKLAR-KKYTGWGNLSRKLIDGIRNR  ETNRTILGHLI  DDGf---SNRNLMQLINDDGL  716
WP_045618028  634  QRLAHYASIFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGIYDK  QSKKTILDYLI  DDG---EINRNFMQLINDDGL  702
WP_045635197  633  QRLAQYDSLFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGICDK  QTGNTILDYLI  DDG---KINRNFMQLINDDGL  701
WP_002263549  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002263887  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002264920  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002269043  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
```

【数１１４】

```
WP_002269448  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002271977  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002272766  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002273241  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002275430  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTLLDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002276448  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002277050  636  QRLAKYADVFDKKVIDQLAR-RHYTGWGRLSAKLLNGIRDK  QSCKTIMDYLI  DDA---QSNRNLMQLITDDNL  704
WP_002277364  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002279025  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002279859  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002280230  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002281696  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002282247  636  QRLAKYADVFDKKVIDQLAR-RHYTGWGRLSAKLLNGIRDK  QSCKTIMDYLI  DDA---QSNRNLMQLITDDNL  704
WP_002282906  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002283846  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002287255  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002288990  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002289641  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002290427  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002295753  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002296423  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002304487  645  QRLQKYSDIFTKAQLKKLER-RHYTGWGRLSYKLINGIRDK  QSNKTILGYLI  DDG---YSNRNFMQLINDDAL  713
WP_002305844  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002307203  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTLLDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002310390  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_002352408  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTLLDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_012997688  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_014677909  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_019312892  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_019313659  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_019314093  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTLLDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_019315370  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTLLDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_019803776  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_019805234  635  KRLKNYSDLLTKEQLKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_024783594  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_024784288  636  QRLAKYADVFDKKVIDQLAR-RHYTGWGRLSAKLLNGIRDK  QSCKTIMDYLI  DDA---QSNRNLMQLITDDNL  704
WP_024784666  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_024784894  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_024786433  636  QRLAKYADVFDKKVIDQLAR-RHYTGWGRLSAKLLNGIRDK  QSCKTIMDYLI  DDA---QSNRNLMQLITDDNL  704
```

【数１１５】

```
WP_049473442  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
WP_049474547  635  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  703
EMC03581      628  KRLENYSDLLTKEQVKKLER-RHYTGWGRLSAELIHGIRNK  ESRKTILDYLI  DDG---NSNRNFMQLINDDAL  696
WP_000428612  636  QRLAQYDSLFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSSKLINGIRDK  QTGKTILDYLM  DDG---YNNRNFMQLINDDEL  704
WP_000428613  634  QRLAQYDSLFDEKVIKALIR-RHYTGWGKLSAKLIDGICDK  QTGNTILDYLI  DDG---KNNRNFMQLINDDGL  702
WP_049523028  633  QRLNQYDSIFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGIRDK  KTSKTILDYLI  DDG---YSNRNFMQLINDDGL  701
WP_003107102  603  KRLSKYESIFDPSILKKLKK-RHYTGWGRLSQKLINGIRDK  QTGKTILDFLI  -DGq---ANRNFMQLINDPSL  671
WP_054279288  636  NRLAVYEDLFDQNVLKQLKR-RHYTGWGRLSKQLINGMRDK  HTGKTILDFLK  -DGf---INRNFMQLINDDNL  704
WP_049531101  634  QRLAQYASIFDEKVIKTLTR-RHYTGWGKLSAKLINCIRDR  KTGKTILDYLI  DDG---YNNRNFMQLINDDGL  702
WP_049538452  634  QRLAQYDSIFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGIRDK  QTGKTILDYLI  DDG---YSNRNFMQLINDDGL  702
WP_049549711  634  QRLAQYDSLFDKKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGICDK  QTGNTILDYLI  DDG---EINRNFMQLINDDGL  702
WP_007896501  637  KRLAKYANLFEKSVLKKLRK-RHYRGWGRLSRQLIDGMKDK  ASGKTILDFLK  -DDf---ANRNFIQLINDSSL  705
EFR44625      589  KRLAKYANLFEKSVLKKLRK-RHYRGWGRLSRQLIDGMKDK  ASGKTILDFLK  -DDf---ANRNFIQLINDSSL  657
WP_002897477  633  QRLAQYDTLFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGIRDK  QSGKTILDYLI  DDD---KINRNFMQLINDDGL  701
WP_002906454  633  QRLAQYDTLFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGIRDK  QTGKTILEYLI  DDG---DCNRNFMQLINDDGL  701
WP_009729476  634  QRLAQYDSLFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGISDK  QTGNTILDYLI  DDG---EINRNFMQLINDDGL  702
CQR24647      637  QRLLKYEDIFSKKVIANLTR-RHYTGWGRLSAKLINGIKDK  HSRKTILDYLI  DDG---HSNRNFMQLINDDNL  705
WP_000066813  636  QRLAQYDSLFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGIRDK  KSGKTILDYLI  DDG---EINRNFMQLIHDDGL  704
WP_009754323  634  QRLAQYDSIFDEKVIKALTR-RHYTGWGKLSAKLINGICDK  KTGKTILDYLI  DDG---YNNRNFMQLINDDGL  702
WP_044674937  633  KRLEKYKDILTEEQRKKLER-RHYTGWGRLSAKLINGILDK  VTRKTILGYLI  DDG---TSNRNFMQLINDDTL  701
WP_044676715  635  KRLEKYKDVLTEEQRKKLER-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  VTRKTILDYLI  DDG---TSNRNFMQLINDDTL  703
WP_044680361  635  KRLEKYKDVLTEEQRKKLER-RHYTGWGRLSAKLINGIRDK  VTRKTILDYLI  DDG---TSNRNFMQLINDDTL  703
WP_044681799  633  KRLEKYKDILTEEQRKKLER-RHYTGWGRLSAKLINGILDK  VTRKTILGYLI  DDG---TSNRNFMQLINDDTL  701
WP_049533112  635  QRLQKYSDIFTKAQLKKLER-CHYTGWGRLSYKLINGIRNK  ENKKTILDYLI  DDG---YANRNFMQLINDDAL  703
WP_029090905  613  RKLSEYPQLTEQQQVQLAQV--RFRGWGRLSQRLINRIKTP  EDHKLSINEIL  -----QTNENFMQIIRNKDY  682
WP_006506696  638  RRLKKKYALPDDKVKQILKL--KYKDWSRLSKKLLDGIVAD  SV--TVLDVLE  -----SRLNLMEIINDKDL  705
AIT42264      634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_034440723  638  RQLMKFKDKLSEKAINQLSK-KHYTGWGQLSEKLINGIRDE  QSNKTILDYLI  DNGcpkNMNNFMQLINDDTL  710
AKQ21048      634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
WP_004636532  634  KQLQTYSDTLSPEILKKLER-KHYTGWGRFSKKLINGLRDE  GSNKTILDYLK  DEGssgPTNRNFMQLIRDNTL  706
WP_002364836  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILGYLI  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_016631044  593  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLV  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  665
EMS75795      382  TQLKKYQSVLGDGFFKKLVK-KHYTGWGRLSERLINGIRDK  KTNKTILDYLI  DDDfpyNRNFMQLINDDSL  454
WP_002373311  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLV  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_002378009  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLI  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_002407324  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLV  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_002413717  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLV  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_010775580  644  TQLSTFKGQFSEEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLI  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  716
WP_010818269  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILGYLI  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
```

【数１１６】

```
WP_010824395  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLI  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_016622645  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLV  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_033624816  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLI  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_033625576  642  TQLSTFKGQFSAEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLI  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_033789179  642  TQLSTFKGQFSEEVLKKLER-KHYTGWGRLSKKLINGIYDK  ESGKTILDYLI  DDGvskHYNRNFMQLINDSQL  714
WP_002310644  642  TRLSHHEATLGKHIIKKLTK-KHYTGWGRLSKELIQGIRDK  QSNKTILDYLI  DDDfphHRNRNFMQLINDDSL  714
WP_002312694  643  TRLSHHEATLGKHIIKKLTK-KHYTGWGRLSKELIQGIRDK  QSNKTILDYLI  DDDfphHRNRNFMQLINDDSL  715
WP_002314015  643  TRLSHHEATLGKHIIKKLTK-KHYTGWGRLSKELIQGIRDK  QSNKTILDYLI  DDDfphHRNRNFMQLINDDSL  715
WP_002320716  643  TRLSHHEATLGKHIIKKLTK-KHYTGWGRLSKELIQGIRDK  QSNKTILDYLI  DDDfphHRNRNFMQLINDDSL  715
WP_002330729  642  TRLSHHEATLGKHIIKKLTK-KHYTGWGRLSKELIQGIRDK  QSNKTILDYLI  DDDfphHRNRNFMQLINDDSL  714
WP_002335161  643  TRLSHHEATLGKHIIKKLTK-KHYTGWGRLSKELIQGIRDK  QSNKTILDYLI  DDDfphHRNRNFMQLINDDSL  715
WP_002345439  643  TRLSHHEATLGKHIIKKLTK-KHYTGWGRLSKELIQGIRDK  QSNKTILDYLI  DDDfphHRNRNCMQLINDDSL  715
WP_034867970  638  HQLSKYQEVFGEKLLKEFAR-KHYTGWGRFSAKLIHGIRDR  KTNKTILDYLI  DDDvpaNRNRNLMQLINDEHL  710
WP_047937432  643  TRLSHHEATLGKHIIKKLTK-KHYTGWGRLSKELIQGIRDK  QSNKTILDYLI  DDDfphHRNRNFMQLINDDSL  715
WP_010720994  638  HQLSKYQEVFGEKLLKEFAR-KHYTGWGRFSAKLIHGIRDR  KTNKTILDYLI  DDDvpaNRNRNLMQLINDEHL  710
WP_010737004  638  HQLSKYQEVFGEKLLKEFAR-KHYTGWGRFSAKLIHGIRDR  KTNKTILDYLI  DDDvpaNRNRNLMQLINDEHL  710
WP_034700478  638  HQLSKYQEVFGEKLLKEFAR-KHYTGWGRFSAKLIHGIRDR  KTNKTILDYLI  DDDvpaNRNRNLMQLINDEHL  710
WP_007209003  635  NQLEQLPLNLSTKTIKALSR-RKYTGWGRLSARLIDGIHDK  NSGKTILDYLI  DESdsyIVNRNFMQLINDDHL  707
WP_023519017  632  EQLKPYETVLGLPAIKKLAK-KHYTGWGRLSEKMIQGMREK  QSRKTILDYLI  DDDfpcNRNRNFMQLINDDHL  704
WP_010770040  635  EQLKKYTYLFDEEVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLIGIKEK  RTHKTILDYLI  DDGgkqPINRNLMQLINDSDL  707
WP_048604708  631  EQLSKFSDRLSEKTIKDLER-RHYTGWGRLSAKLINGIHDK  QSNKTILDYLI  DDApkkNINRNFMQLINDNRL  703
WP_010750235  637  TQLKKYQRILGEEIFKKLVK-KKYTGWGRLSKRLINGIRDQ  KTNKTILDYLI  DDDfpyNRNRNFMQLINDDHL  709
AII16583      673  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  741
WP_029073316  648  RRLKKEYDLLDEEKIKKILKL--KYSGWSRLSKKLLSGIKTK  RTPETVLEVME  -------TNMNLMQVINDEKL  717
WP_031589969  648  RRLKKEYDLLDEEKIKKILKL--KYSGWSRLSKKLLSGIKTK  RTPETVLEVME  -------TNMNLMQVINDEKL  717
KDA45870      631  RRLENYRDFLGEDILRKLSR-KKYTGWGRLSAKLLDGIYDK  KTHKTILDCLM  EDYs-----QNFMQLINDDTY  698
WP_039099354  651  AKLNEIDWLTDQQRVQLAAK--RYRGWGRLSAKLLTQIVN-  ANGQRIMDLLW  -------TTDNFMRIVHSE--  712
AKP02966      633  EKLHSSNYSYTSDQIKKISN-MRYKGWGRLSKKILTCITTE  TNTPKSLQLSN  -DLm-wTTNNNFISIISNDKY  706
WP_010991369  638  EQLQQFSDVLDGVVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLMGIRDK  QSHLTILDYLM  DDG----LNRNIMQLINDSNL  706
WP_033838504  638  EQLQQFSDVLDGVVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLMGIRDK  QSHLTILDYLM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
EHN60060      641  EQLQQFSDVLDGVVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLMGIRDK  QSHLTILDYLM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  709
EFR89594      407  EQLQQFSDVLDGVVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLMGIRDK  QSHLTILDYLM  DDG----LNRNIMQLINDSNL  475
WP_038409211  638  EQLQSFSDVLDGTILKKLER-RHYTGWGRLSAKLLTGIRDK  HSHLTILDYLM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
EFR95520      257  EQLQSFSDVLDGTILKKLER-RHYTGWGRLSAKLLTGIRDK  HSHLTILDYLM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  325
WP_003723650  638  EQLQQFSDVLDGGVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIREK  QSHLTILDYLM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
WP_003727705  638  EQLEQFSDVLDGVVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILDYLM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
WP_003730785  638  EQLEQFSDVLDGVVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILDYLM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
WP_003733029  638  EQLQQFSDVLDGTVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILDYLM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
WP_003739838  638  EQLQQFSDVLDGAVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILDYLM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
```

【数１１７】

```
WP_014601172  638  EQLQQFSDVLDGGVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIREK  QSHLTILDYILM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
WP_023548323  638  EQLQQFSDVLDGTVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILDYILM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
WP_031665337  638  EQLQQFSDVLDGVVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILEYILM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
WP_031669209  638  EQLQQFSDVLDGTVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILDYILM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
WP_033920898  638  EQLQQFSDVLDGTVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILDYILM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  706
AKI42028      641  EQLQQFSDVLDGGVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIREK  QSHLTILDYILM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  709
AKI50529      641  EQLQQFSDVLDGTVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILDYILM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  709
EFR83390       86  EQLQQFSDVLDGVVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLVGIRDK  QSHLTILEYILM  DDG----LNRNLMQLINDSNL  154
WP_046323366  638  ERLQEFSNVLDEAVLKKLER-RHYTGWGRLSAKLLIGIRDK  ESHLTILDYILM  DDK----HNRNLMQLINDSNL  706
AKE81011      650  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  718
CUO82355      642  RRLKKKYALPDDKIKQILKL--KYKDWSRLSKKLLDGIVAD  SV--TVLDVLE  --------SRLNLMEIINDKEL  709
WP_033162887  645  RRLKKVYQLDDLLVDKILKL--NYTGWSRLSEKLLTGMTAD  KA--TVLFVLE  --------SNKNLMEIINDEKL  712
AGZ01981      667  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  735
AKA60242      634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
AKS40380      634  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  702
4UN5_B        638  ERLKTYAHLFDDKVMKQLKR-RRYTGWGRLSRKLINGIRDK  QSGKTILDFLK  -DGf---ANRNFMQLIHDDSL  706
```

【数１１８】

```
WP_010922251  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_039695303  707  PFKQIIQKSQVVG-DVDD-IEAVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-GNPDNIVIEMARENQ  TTNRGRSQS  780
WP_045635197  702  SFKEIIQKAQVIG-KTDD-VKQVVQELSGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-HAPESIVIEMARENQ  TTARGKKNS  775
5AXW_A        427  VPKKVDLSQQKEI---PT---TLVDDFILSPVVKRSFIQSIKVINAIIKKYG--LPNDIIIELARERN  --------S  487
WP_009880683  387  TFKEDLQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  461
WP_010922251  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_011054416  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_011284745  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_011285506  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_011527619  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_012560673  703  TFKEDLQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_014407541  703  TFKEDIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQTVKIVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  776
WP_020905136  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_023080005  703  TFKEAIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQTVKIVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  776
WP_023610282  703  TFKEAIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQTVKIVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  776
WP_030125963  703  TFKEDLQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_030126706  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_031488318  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_032460140  703  TFKEDLQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_032461047  703  TFKEDLQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_032462016  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_032462936  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_032464890  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_033888930  528  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  602
WP_038431314  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_038432938  703  TFKEAIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQTVKIVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  776
WP_038434062  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
BAQ51233      614  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  688
KGE60162           ----------------------------------------------------------  --------
KGE60856           ----------------------------------------------------------  --------
WP_002989955  703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  TTQKGQKNS  777
WP_003030002  704  SFKEEIARAQIIG-DVDD-IANVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-HNPANIIIEMARENQ  MTDKGRRNS  777
WP_003065552  707  PFKQIIQKSQVVG-DVDD-IEAVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-DNPDNIVIEMARENQ  TTNRGRSQS  780
WP_001040076  702  SFKPIIDKARTGS-HSDN-LKEVIGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  TTAKGLSRS  775
WP_001040078  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  TTNQGRRNS  778
WP_001040080  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  TTNQGRRNS  778
WP_001040081  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  TTNQGRRNS  778
WP_001040083  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  TTNQGRRNS  778
WP_001040085  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  TTNQGRRNS  778
```

【数１１９】

```
WP_001040087  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_001040088  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_001040089  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_001040090  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVVG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_001040091  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_001040092  705  SFKSIISKAQSGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_001040094  702  SFKPIIDKARTGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  775
WP_001040095  702  SFKPIIDKARTGS-HLDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  775
WP_001040096  702  SFKPIIDKARTGS-HLDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  775
WP_001040097  702  SFKPIIDKARTGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  775
WP_001040098  702  SFKPIIDKARTGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  775
WP_001040099  702  SFKPIIDKARTGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  775
WP_001040100  702  SFKPIIDKARTGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  775
WP_001040104  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_001040105  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_001040106  705  SFKPIIDKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQVVVEMARENQ  778
WP_001040107  705  SFKPIIDKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQVVVEMARENQ  778
WP_001040108  705  SFKPIIDKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQVVVEMARENQ  778
WP_001040109  705  SFKPIIDKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQVVVEMARENQ  778
WP_001040110  705  SFKPIIDKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQVVVEMARENQ  778
WP_015058523  705  SFKSIISKAQSGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_017643650  702  SFKPIIDKARTGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  775
WP_017647151  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_017648376  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_017649527  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_017771611  705  SFKPIIDKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQVVVEMARENQ  778
WP_017771984  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
CFQ25032      705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
CFV16040      705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
KLJ37842      705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
KLJ72361      705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
KLL20707      719  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  792
KLL42645      705  SFKPIIDKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQVVVEMARENQ  778
WP_047207273  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_047209694  702  SFKPIIDKARTGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  775
WP_050198062  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_050201642  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
WP_050204027  705  SFKPIIDKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQVVVEMARENQ  778
WP_050881965  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
```

【数１２０】

```
WP_050886065  705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
AHN30376      705  SFKSIISKAQSGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
EAO78426      705  SFKSIISKAQAGS-HSDN-LKEVVGELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YEPEQIVVEMARENQ  778
CCW42055      705  SFKSIISKAQSGS-HSDN-LKEVVSELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YKPEQIVVEMARENQ  778
WP_003041502  704  SFKEEIAKAQIIG-DVDD-IANVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-HNPANIIIEMARENQ  777
WP_037593752  705  SFKEEIARAQIIG-DVDD-LANVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-HNPANIIIEMARENQ  778
WP_049516684  705  SFKEEIARAQIIG-DVDD-IANVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-HNPANIIIEMARENQ  778
GAD46167      704  SFKEEIARAQIIG-DVDD-IANVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-HNPANIIIEMARENQ  777
WP_018363470  705  SFKQIIQEAQVVG-DVDD-IETVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELIKVMG-DNPDNIVIEMARENQ  778
WP_003043819  713  TFKEEIEKAQVSG-QGDS-LHEQIADLAGSPAIKKGILQTVKIVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  786
WP_006269658  704  SFKEEIARAQIID-DVDD-IANVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-HNPANIIIEMARENQ  777
WP_048800889  704  PFKQIIKDAQAID-DVDD-IELIVHDLPGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-YNPDNIVIEMARENQ  777
WP_012767106  703  TFKEAIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQSVKVVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  776
WP_014612333  703  TFKEAIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQSVKVVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  776
WP_015017095  703  TFKEAIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQSVKVVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  776
WP_015057649  703  TFKEAIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQSVKVVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  776
WP_048327215  703  TFKEAIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQSVKVVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  776
WP_049519324  703  TFKEAIQKAQVSG-QGHS-LHEQIANLAGSPAIKKGILQSVKVVDELVKVMG-HKPENIVIEMARENQ  776
WP_012515931  703  SFIDEIAKAQVIG-KTEY-SKDLVGNLAGSPAIKKGISQTIKIVDELVKIMG-YLPQQIVIEMARENQ  776
WP_021320964  703  SFIDEIAKAQVIG-KTEY-SKDLVGNLASSPAIKKGISQTIKIVDELVKIMG-YLPQQIVIEMARENQ  776
WP_037581760  703  SFIDEIAKAQVIG-KTEY-SKDLVGNLAGSPAIKKGISQTIKIVDELVKIMG-YLPQQIVIEMARENQ  776
WP_004232481  704  SFKTTIQEAQVVG-DVDD-IEAVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-HNPQNIVIEMARENQ  777
WP_009854540  705  PFKQIIQKSQVVG-DVDD-IEAVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-DNPDNIVIEMARENQ  778
WP_012962174  705  PFKQIIKDAQIIG-DIDD-VTSVVRELPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-HNPDNIVIEMARENQ  778
WP_039695303  707  PFKQIIQKSQVVG-DVDD-IEAVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-GNPDNIVIEMARENQ  780
WP_014334983  704  SFKTIIQEAQVVG-DVDD-IEAVVHDLPGSPAIKKGILQSVKIVDELVKVMG-DNPDNIVIEMARENQ  777
WP_003099269  703  DFAKIIKNEQEKTiKNES-LEETIANLAGSPAIKKGILQSIKIVDEIVKIMG-QNPDNIVIEMARENQ  777
AHY15608      703  DFAKIIKNEQEKTiKNES-LEETIANLAGSPAIKKGILQSIKIVDEIVKIMG-QNPDNIVIEMARENQ  777
AHY17476      703  DFAKIIKNEQEKTiKNES-LEETIANLAGSPAIKKGILQSIKIVDEIVKIMG-QNPDNIVIEMARENQ  777
ESR09100      ---  ----------------------------------------------------  -------
AGM98575      703  DFAKIIKNEQEKTiKNES-LEETIANLAGSPAIKKGILQSIKIVDEIVKIMG-QNPDNIVIEMARENQ  777
ALF27331      704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  777
WP_018372492  717  DFKEIIRKAQTIE-NIDT-NQALVSSLPGSPAIKKGILQSLNIVDEIIAIMG-YAPTNIVIEMARENQ  790
WP_045618028  703  SFKEIIQKAQVVG-KTND-VKQVVQELPGSPAIKKGILQSIKLVDELVKVMG-HAPESIVIEMARENQ  776
WP_045635197  702  SFKEIIQKAQVIG-KTDD-VKQVVQELSGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-HAPESIVIEMARENQ  775
WP_002263549  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  777
WP_002263887  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  777
WP_002264920  704  SFKEETAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  777
WP_002269043  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  777
```

【数１２１】

```
WP_002269448  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRQNS  777
WP_002271977  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002272766  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002273241  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTKQGRRNS  777
WP_002275430  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002276448  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTKQGRRNS  777
WP_002277050  705  TFKDDIVKAQYVD-NSDD-LHQVVQSLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-KEPEQIVVEMARENQ  TTAKGRRNS  778
WP_002277364  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002279025  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002279859  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002280230  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTKQGRRNS  777
WP_002281696  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002282247  705  TFKDDIVKAQYVD-NSDD-LHQVVQSLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-KEPEQIVVEMARENQ  TTAKGRRNS  778
WP_002282906  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002283846  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002287255  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002288990  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002289641  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002290427  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSLAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002295753  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTKQGRRNS  777
WP_002296423  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002304487  714  SFKEEIAKAQVIG-EMDG-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-HNPANIVIEMARENQ  TTAKGRRSS  787
WP_002305844  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTKQGRRNS  777
WP_002307203  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002310390  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSLAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_002352408  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGQRNS  777
WP_012997688  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_014677909  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_019312892  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_019313659  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_019314093  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_019315370  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_019803776  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_019805234  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSLAIKKGILQNLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_024783594  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_024784288  705  TFKDDIVKAQYVD-NSDD-LHQVVQSLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-KEPEQIVVEMARENQ  TTAKGRRNS  778
WP_024784666  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_024784894  704  SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ  FTNQGRRNS  777
WP_024786433  705  TFKDDIVKAQYVD-NSDD-LHQVVQSLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-KEPEQIVVEMARENQ  TTAKGRRNS  778
```

【数１２２】

```
WP_049473442 704 SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ 777
WP_049474547 704 SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ 777
EMC03581     697 SFKEEIAKAQVIG-ETDN-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKIMG-HQPENIVVEMARENQ 770
WP_000428612 705 SFKEIIKKAQVVG-KTDD-VKQVVQELPGSPAIKKGILQSIKLVDELVKVMG-HEPESIVIEMARENQ 778
WP_000428613 703 SFKEITQKAQVVG-KTDD-VKQVVQELPGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-HTPESIVIEMARENQ 776
WP_049523028 702 SFKETIQKAQVVG-ETND-VKQVVQELPGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-HAPESVVIEMARENQ 775
WP_003107102 672 DFASIIKEAQEKTiKSEK-LEETIANLAGSPAIKKGILQSVKIVDEVVKVMG-YEPSNIVIEMARENQ 746
WP_054279288 705 SFKEEIKKAQEGG-LKDS-INDQIRDLAGSPAIKKGILQTINIVDEIVKIMG-KAPQHIVVEMARDVQ 778
WP_049531101 703 SFKEIIQESQVVG-KPDD-VKQIVQELPGSSAIKKGILQSIKLVDELVKVMG-HDPESIVIEMARENQ 776
WP_049538452 703 SFKEIIQKAQVFG-KTND-VKQVVQELPGSPAIKKGILQSIKIVEELVKVMG-HEPESIVIEMARENQ 776
WP_049549711 703 SFKKIIQKSQVVG-ETDD-VKQVVRELPGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMD-HAPESIVIEMARENQ 776
WP_007896501 706 DFEKLIDDAQKKAiKRES-LTEAVANLAGSPAIKKGILQSLKVVDEIVKVMG-HNPDNIVIEMSRENQ 780
EFR44625     658 DFEKLIDDAQKKAiKRES-LTEAVANLAGSPAIKKGILQSLKVVDEIVKVMG-HNPDNIVIEMSRENQ 732
WP_002897477 702 SFKEIIQKAQVVG-KTDD-VKQVVQELPGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-YALESIVIEMARENQ 775
WP_002906454 702 SFKEIIQKAQVVG-KTDD-VKQVVQEIPGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-HNPESIVIEMARENQ 775
WP_009729476 703 SFKEIIQKAQVVG-KTND-VKQVVQELPGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-HAPESIVIEMARENQ 776
CQR24647     706 SFKDEIANSQVIG-DGDD-LHQVVQELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YNPEQIVVEMARENQ 779
WP_000066813 705 SFKEIIQKAQVFG-KTND-VKQVVQELPGSPAIKKGILQSIKIVDELVKVMG-HAPESIVIEMARENQ 778
WP_009754323 703 SFKEIIQKAQVVG-KTDD-LTQVVRELSGSPAIKKGILQSIKIVDELVKIMG-YAPESIVIEMARENQ 776
WP_044674937 702 SFVDEIRLAQGSG-EAED-YRAEVQNLAGSPAIKKGILQSLKIVDELIEVMG-YDPEHIVVEMARENQ 775
WP_044676715 704 SFVDEIRLAQGSG-EAED-YRAEVQNLAGSPAIKKGILQSLKIVDELIEVMG-YDPEHIVVEMARENQ 777
WP_044680361 704 SFVDEIRLAQGSG-EAED-YRAEVQNLAGSPAIKKGILQSLKIVDELIEVMG-YDPEHIVVEMARENQ 777
WP_044681799 702 SFVDEIRLAQGSG-EAED-YRAEVQNLAGSPAIKKGILQSLKIVDELIEVMG-YNPANIVIEMARENQ 775
WP_049533112 704 SFKEEIAKAQVIG-ETDD-LNQVVSDIAGSPAIKKGILQSLKIVDELVKVMG-YNPANIVIEMARENQ 777
WP_029090905 683 LFKKIIEEQFENEtALLN--KQRIDELAASPANKKGIWQAIKIVKELELEKVLQ-QPAENIFIEFARSDE 752
WP_006506696 706 GYAQMIEEATSCPeDGKF-TYEEVERLAGSPALKRGIWQSLQIVEEITKVMK-CRPKYIYIEFERSEE 776
AIT42264     703 TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ 777
WP_034440723 711 SFKEKIRKAQDIN-QVND-IKEIVKDLPGSPAIKKGIYQSIRIVDEIIRKMK-DRPKNIVIEMARENQ 784
AKQ21048     703 TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ 777
WP_004636532 707 SFKKKIEDAQTIE-DTTH-IYDTVAELPGSPAIKKGIRQALKIVEEIIDIG-YEPENIVVEMARESQ 780
WP_002364836 715 SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ 788
WP_016631044 666 SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ 739
EMS75795     455 SFKEELANELALA-GNQS-LLEVVEALLGSPAIKKGIWQTLKIVEELIEIIG-YNPKNIVVEMARENQ 524
WP_002373311 715 SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ 788
WP_002378009 715 SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ 788
WP_002407324 715 SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ 788
WP_002413717 715 SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ 788
WP_010775580 717 SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ 790
WP_010818269 715 SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ 788
```

【数１２３】

```
WP_010824395  715  SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ  788
WP_016622645  715  SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ  788
WP_033624816  715  SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ  788
WP_033625576  715  SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ  788
WP_033789179  715  SFKNAIQKAQSSE-HEET-LSETVNELAGSPAIKKGIYQSLKIVDELVAIMG-YAPKRIVVEMARENQ  788
WP_002310644  715  SFKKEIKKAQMIT-DTEN-LEEIVKELTGSPAIKKGILQSLKIVDEIVGIMG-YEPANIVVEMARENQ  788
WP_002312694  716  SFKKEIKKAQMIT-DTEN-LEEIVKELTGSPAIKKGILQSLKIVDEIVGIMG-YEPANIVVEMARENQ  789
WP_002314015  716  SFKKEIKKAQMIT-DTEN-LEEIVKELTGSPAIKKGILQSLKIVDEIVGIMG-YEPANIVVEMARENQ  789
WP_002320716  716  SFKKEIKKAQMIT-DTEN-LEEIVKELTGSPAIKKGILQSLKIVDEIVGIMG-YEPANIVVEMARENQ  789
WP_002330729  715  SFKKEIKKAQMIT-DTEN-LEEIVKELTGSPAIKKGILQSLKIVDEIVGIMG-YEPANIVVEMARENQ  788
WP_002335161  716  SFKKEIKKAQMIT-DTEN-LEEIVKELTGSPAIKKGILQSLKIVDEIVGIMG-YEPANIVVEMARENQ  789
WP_002345439  716  SFKKEIKKAQMIT-DTEN-LEEIVKELTGSPAIKKGILQSLKIVDEIVGIMG-YEPANIVVEMARENQ  789
WP_034867970  711  SFKEEIAKATVFS-KHKS-LVDVIQDLPGSPAIKKGIWQSLKIVEELIAIIG-YKPKNIVIEMARENQ  780
WP_047937432  716  SFKKEIKKAQMIT-DTEN-LEEIVKELTGSPAIKKGILQSLKIVDEIVGIMG-YEPANIVVEMARENQ  789
WP_010720994  711  SFKEEIAKATVFS-KHKS-LVDVIQDLPGSPAIKKGIWQSLKIVEELIAIIG-YKPKNIVIEMARENQ  780
WP_010737004  711  SFKEEIAKATVFS-KHKS-LVDVIQDLPGSPAIKKGIWQSLKIVEELIAIIG-YKPKNIVIEMARENQ  780
WP_034700478  711  SFKEEIAKATVFS-KHKS-LVDVIQDLPGSPAIKKGIWQSLKIVEELIAIIG-YKPKNIVIEMARENQ  780
WP_007209003  708  SFKKIIEDSQPYK-EQQS-AEEIVSELSGSPAIKKGILQSLKIVDELVAIMG-YKPKNIVVEMARENQ  781
WP_023519017  705  SFKETIANELIMS-DSNV-LLDQVKAIPGSPAVKKGIWQSIKIVEEIIGIG-KAPKNIVIEMARENQ  774
WP_010770040  708  SFKSEIAEAQSDM-NTED-LHEVVQNLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVDIMG-SLPKNIVVEMARENQ  781
WP_048604708  704  TFKEEIEKEQLKA-NSEEsLIEIVQNLAGSPAIKKGIFQSLKIVDELVEIMG-YAPTNIVVEMARENQ  778
WP_010750235  710  SFKEEIAKELTLS-DKQS-LLEVVEAIPGSPAIKKGIWQTLKIVEELIAIIG-YKPKNIVIEMARENQ  783
AII16583      742  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  816
WP_029073316  718  GFKKTIDDANSTSvSGKF-SYAEVQELAGSPAIKRGIWQALLIVDEIKKIMK-HEPAHVYIEFARNED  788
WP_031589969  718  GFKKTIDDANSTSvSGKF-SYAEVQELAGSPAIKRGIWQALLIVDEIKKIMK-HEPAHVYIEFARNED  788
KDA45870      699  SFKETIKNAQVIE-KEET-LAKTVQELPGSPAIKKGILQSLEIVDEIIKVMG-YKPKSIVVEMARETQ  771
WP_039099354  713  DFDKLITEANQMM-LAENdVQDVINDLYTSPQNKKALRQILLVVNDIQKAMKgQAPERILIEFAREDE  788
AKP02966      707  DFKNYIENHNLNKnEDQN-ISNLVNDIHVSPALKRGITQSIKIVQEIVKFMG-HAPKYIFIEVTRETK  785
WP_010991369  707  SFKSIIEKEQVTT-ADKD-IQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
WP_033838504  707  SFKSIIEKEQVTT-ADKD-IQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
EHN60060      710  SFKSIIEKEQVTT-ADKD-IQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  783
EFR89594      476  SFKSIIEKEQVTT-ADKD-IQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  549
WP_038409211  707  SFKSIIEKEQVST-ADKG-IQSIVAELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVGIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
EFR95520      326  SFKSIIEKEQVST-ADKG-IQSIVAELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVGIMG-YPPQTIVVEMARENQ  399
WP_003723650  707  SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVAELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
WP_003727705  707  SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
WP_003730785  707  SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
WP_003733029  707  SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVAELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
WP_003739838  707  SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
```

【数１２４】

```
WP_014601172  707  SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
WP_023548323  707  SFKSIIEKEQVST-ADKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKVVEELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
WP_031665337  707  SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVAELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
WP_031669209  707  SFKSIIEKEQVST-ADKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
WP_033920898  707  SFKSIIEKEQVST-ADKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKVVEELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
AKI42028      710  SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  783
AKI50529      710  SFKSIIEKEQVST-ADKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKVVEELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  783
EFR83390      155  SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  228
WP_046323366  707  SFKSIIEKEQVST-ADKD-IQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVGIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
AKE81011      719  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  793
CUO82355      710  GYAQMIEEASSCPkDGKF-TYEEVAKLAGSPALKRGIWQSLQIVEEITKVMK-CRPKYIYIEFERSEE  780
WP_033162887  713  GYKQIIEESNMQDiEGPF-KYDEVKKLAGSPAIKRGIWQALLVVREITKFMK-HEPSHIYIEFAREEQ  783
AGZ01981      736  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  810
AKA60242      703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  777
AKS40380      703  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  777
4UN5_B        707  TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  781

                   SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
                   SFKSIIEKEQVST-ADKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKVVEELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
                   SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVAELAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
                   SFKSIIEKEQVST-ADKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
                   SFKSIIEKEQVST-ADKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKVVEELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
                   SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  783
                   SFKSIIEKEQVST-ADKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKVVEELVSVMG-YPPQTIVVEMARENQ  783
                   SFKSIIEKEQVST-TDKD-LQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVSIMG-YPPQTIVVEMARENQ  228
                   SFKSIIEKEQVST-ADKD-IQSIVADLAGSPAIKKGILQSLKIVDELVGIMG-YPPQTIVVEMARENQ  780
                   TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  793
                   GYAQMIEEASSCPkDGKF-TYEEVAKLAGSPALKRGIWQSLQIVEEITKVMK-CRPKYIYIEFERSEE  780
                   GYKQIIEESNMQDiEGPF-KYDEVKKLAGSPAIKRGIWQALLVVREITKFMK-HEPSHIYIEFAREEQ  783
                   TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  810
                   TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  777
                   TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  777
                   TFKEDIQKAQVSG-QGDS-LHEHIANLAGSPAIKKGILQTVKVVDELVKVMGrHKPENIVIEMARENQ  781
```

【数１２５】

```
                                                
```

```
WP_001040087  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040088  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040089  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040090  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040091  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040092  779  RQRYKLLEDGVK  NLAS  DILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040094  776  RQRLTTLRESLA  NLKS  EKKPKYV--KDqveNHHLSDDRLFLYYLQNGKDMYTDDEL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040095  776  RQRLTTLRESLA  NLKS  EKKPKYV--KDqveNHHLSDDRLFLYYLQNGKDMYTDDEL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040096  776  RQRLTTLRESLA  NLKS  EKKPKYV--KDqveNHHLSDDRLFLYYLQNGKDMYTDDEL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040097  776  RQRLTTLRESLA  NLKS  EKKPKYV--KDqveNHHLSDDRLFLYYLQNGKDMYTDDEL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040098  776  RQRLTTLRESLA  NLKS  EKKPKYV--KDqveNHHLSDDRLFLYYLQNGKDMYTDDEL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040099  776  RQRLTTLRESLA  NLKS  EKKPKYV--KDqveNHHLSDDRLFLYYLQNGKDMYTDDEL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040100  776  RQRLTTLRESLA  NLKS  EKKPKYV--KDqveNHHLSDDRLFLYYLQNGKDMYTDDEL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040104  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040105  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040106  779  RQRYKLLEEGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040107  779  RQRYKLLEEGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGETL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040108  779  RQRYKLLEEGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040109  779  RQRYKLLEEGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_001040110  779  RQRYKLLEEGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_015058523  779  RQRYKLLEDGVK  NLAS  DILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_017643650  776  RQRLTTLRESLA  NLKS  EKKPKYV--KDqveNHHLSDDRLFLYYLQNGKDMYTDDEL--D--IDNLSQYDIDLI  846
WP_017647151  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGKAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_017648376  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGKAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_017649527  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_017771611  779  RQRYKLLEEGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_017771984  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
CFQ25032      779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
CFV16040      779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
KLJ37842      779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
KLJ72361      779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
KLL20707      793  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  860
KLL42645      779  RQRYKLLEEGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_047207273  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_047209694  776  RQRLTTLRESLA  NLKS  EKKPKYV--KDqveNHHLSDDRLFLYYLQNGKDMYTDDEL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_050198062  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_050201642  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_050204027  779  RQRYKLLEEGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_050881965  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
```

【数１２７】

```
WP_050886065  779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
AHN30376      779  RQRYKLLEDGVK  NLAS  DILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDSLSQYDIDHI  846
EAO78426      779  RQRYKLLDDGVK  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTGEAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
CCW42055      779  RQRYKLLDDGVR  NLAS  NILKEYP--TD---NQALQNERLFLYYLQNGRDMYTEKAL--D--IDNLSQYDIDHI  846
WP_003041502  778  QQRLKLLQDSLK  PVNI  K-----N--VE---NQQLQNDRLFLYYIQNGKDMYTGETL--D--INNLSQYDIDHI  840
WP_037593752  779  QQRLKLLQDSLK  PVNI  K-----N--VE---NQQLQNDRLFLYYIQNGKDMYTGETL--D--INNLSQYDIDHI  841
WP_049516684  779  QQRLKLLQDSLK  PVNI  K-----N--VE---NQQLQNDRLFLYYIQNGKDMYTGETL--D--INNLSQYDIDHI  841
GAD46167      778  QQRLKLLQDSLK  PVNI  K-----N--VE---NQQLQNDRLFLYYIQNGKDMYTGETL--D--INNLSQYDIDHI  840
WP_018363470  779  QQRLKKLQNSLK  PSYI  E----DK--VE---NSHLQNDQLFLYYIQNGKDMYTGDEL--D--IDHLSDYDIDHI  849
WP_003043819  787  RERKKRIEEGIK  ELES  QILKENP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  850
WP_006269658  778  QQRLKLLQDSLK  PVNI  K-----N--VE---NQQLQNDRLFLYYIQNGKDMYTGETL--D--INNLSQYDIDHI  840
WP_048800889  778  QQRLKLLQDSLT  PVSI  K-----N--VE---NQQLQNDRLFLYYIQNGKDMYTGEEL--D--IHHLSDYDIDHI  840
WP_012767106  777  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  840
WP_014612333  777  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  840
WP_015017095  777  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  840
WP_015057649  777  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  840
WP_048327215  777  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  840
WP_049519324  777  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  840
WP_012515931  777  RQRMRKLEETAK  KLGS  NILKEHP--VD---NSQLQNDKRYLYYLQNGKDMYTGDDL--D--IDYLSSYDIDHI  840
WP_021320964  777  RQRMRKLEETAK  KLGS  NILKEHP--VD---NSQIQNDKRYLYYLQNGKDMYTGDDL--D--IDYLSSYDIDHI  840
WP_037581760  777  RQRMRKLEETAK  KLGS  NILKEHP--VD---NSQLQNDKRYLYYLQNGKDMYTGDDL--D--IDYLSSYDIDHI  840
WP_004232481  778  NQRLKRLQDSLK  PSYV  D----SK--VE---NSHLQNDRLFLYYIQNGKDMYTGEEL--D--IDHLSDYDIDHI  848
WP_009854540  779  QQRLKKLQSSLK  PSYI  E----DK--VE---NSHLQNDQLFLYYIQNGKDMYTGDEL--D--IDHLSDYDIDHI  849
WP_012962174  779  QQRLKKLQDSLK  PSYI  E----GK--VE---NNHLQDDRLFLYYIQNGKDMYTGDEL--D--IDHLSDYDIDHI  849
WP_039695303  781  QQRLKKLQNSLK  PSYI  E----DK--VE---NSHLQNDQLFLYYIQNGKDMYTGDEL--D--IDHLSDYDIDHI  851
WP_014334983  778  NQRLKRLQDSLK  PSYV  D----SK--VE---NSHLQNDRLFLYYIQNGKDMYTGEEL--D--IDRLSDYDIDHI  848
WP_003099269  778  RQRLRKLEEVHK  NTGS  KILKEYN--VS---NTQLQSDRLYLYLLQDGKDMYTGKEL--D--YDNLSQYDIDHI  841
AHY15608      778  RQRLRKLEEVHK  NTGS  KILKEYN--VS---NTQLQSDRLYLYLLQDGKDMYTGKEL--D--YDNLSQYDIDHI  841
AHY17476      778  RQRLRKLEEVHK  NTGS  KILKEYN--VS---NTQLQSDRLYLYLLQDGKDMYTGKEL--D--YDNLSQYDIDHI  841
ESR09100      ---  ----------  ----  ----------  ---------------------------------  ----------  ---
AGM98575      778  RQRLRKLEEVHK  NTGS  KILKEYN--VS---NTQLQSDRLYLYLLQDGKDMYTGKEL--D--YDNLSQYDIDHI  841
ALF27331      778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_018372492  791  AQRLKKIEDGIK  -LGS  DLLKQNP--IQd--NKDLQKEKLFLYYMQNGIDLYTGQPLncD--PDSLAFYDVDHI  857
WP_045618028  777  QQRYKRIEDALK  NLAH  NILKEHP--TD---NIQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGKSL--D--INQLSSCDIDHI  844
WP_045635197  776  QQRYKRIEDSLK  ILAS  NILKENP--TD---NNQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGEAL--D--INQLSSYDIDHI  843
WP_002263549  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002263887  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002264920  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002269043  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
```

【数１２８】

```
WP_002269448  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002271977  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002272766  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002273241  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002275430  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002276448  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002277050  779  QQRYKRLKEAIK  DLNH  KILKEHP--TD---NQALQNNRLFLYYLQNGRDMYTGESL--D--INRLSDYDIDHV  846
WP_002277364  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---HSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002279025  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002279859  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002280230  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002281696  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002282247  779  QQRYKRLKEAIK  DLNH  KILKEHP--TD---NQALQNNRLFLYYLQNGRDMYTGESL--D--INRLSDYDIDHV  846
WP_002282906  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002283846  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002287255  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---HSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002288990  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002289641  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002290427  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002295753  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002296423  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002304487  788  QKRYKRLEEAIK  DLNH  KILKEHP--TD---NQALQNDRLFLYYLQNGRDMYTEDPL--D--INRLSDYDIDHI  855
WP_002305844  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002307203  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002310390  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_002352408  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_012997688  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VK---HSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_014677909  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_019312892  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_019313659  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_019314093  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_019315370  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_019803776  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_019805234  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_024783594  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_024784288  779  QQRYKRLKEAIK  DLNH  KILKEHP--TD---NQALQNNRLFLYYLQNGRDMYTGESL--D--INRLSDYDIDHV  846
WP_024784666  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---HSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_024784894  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_024786433  779  QQRYKRLKEAIK  DLNH  KILKEHP--TD---NQALQNNRLFLYYLQNGRDMYTGESL--D--INRLSDYDIDHV  846
```

【数１２９】

```
WP_049473442  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
WP_049474547  778  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---NSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  841
EMC03581      771  QQRLKGLTDSIK  EFGS  QILKEHP--VE---HSQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGEEL--D--IDYLSQYDIDHI  834
WP_000428612  779  QQRYKRIEDSLK  ILAS  KILKEHP--TD---NIQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGKPL--D--INQLSSYDIDHI  846
WP_000428613  777  QQRYKRIEDALK  NLAS  NILKEHP--TN---NIQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGKPL--D--INQLSSYDIDHI  844
WP_049523028  776  QQRLKTLSDAIS  ELG-  NILKEHP--TD---NIQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGEAL--D--INQLSNYDIDHI  839
WP_003107102  747  RERLRKLEEVHK  NIGS  KILKEHE--IS---NAQLQSDRVYLYLLQDGKDMYTGKDL--D--FDRLSQYDIDHI  810
WP_054279288  779  RERMKRVQEVLK  KLGS  QLLKEHP--VE---NFQLQNERLYLYYLQNGKDMYTGEEL--S--ISNLSHYDIDHI  842
WP_049531101  777  QQRYKRIEDSLK  ILAS  NILKEHP--TD---NIQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGNPL--D--INHLSSYDIDHI  844
WP_049538452  777  QQRYKRIENSLK  ILAS  KILKEHP--TD---NNQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGEAL--D--INQLSSCDIDHI  844
WP_049549711  777  QQRYKRIEDSLK  ILAS  NILKENP--TD---NNQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGEAL--D--INQLSSYDIDHI  844
WP_007896501  781  RQRLKKIKEVHK  KTGS  RILEDNSerIT---NLTLQDNRLYLYLLQDGKDMYTGQDL--D--INNLSQYDIDHI  846
EFR44625      733  RQRLKKIKEVHK  KTGS  RILEDNSerIT---NLTLQDNRLYLYLLQDGKDMYTGQDL--D--INNLSQYDIDHI  798
WP_002897477  776  QQRYKRIEDALK  NLAP  NILKENP--TD---NIQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGKPL--D--INQLSNYDIDHI  843
WP_002906454  776  QQRYKRIEDALK  NLAP  NILKENP--TD---NIQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGKAI--D--INQLSNYDIDHI  843
WP_009729476  777  QQRYKRIEDSLK  ILAS  KILKEHP--TD---NIQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGEAL--D--INQLSSCDIDHI  844
CQR24647      780  QQRLGSLTKAIQ  DFGS  DILKRYP--VE---NNQLQNDQLYLYYLQNGKDMYTGDTL--D--IHNLSQYDIDHI  843
WP_000066813  779  QQRYKRIEDSLK  NLAS  NILKENP--TD---NIQLQNDRLFLYYLQNGRDMYTGKPL--E--INQLSNYDIDHI  846
WP_009754323  777  QQRYKRIEDALK  NLAP  TISKENP--TD---NIQLQNDRLFLYYLQNGKDMYTGEAL--D--INQLSSYDIDHI  844
WP_044674937  776  QQRYKKIENAIK  NLNS  KILKEYP--TN---NQALQNDRLFLYYLQNGKDMYTDEEL--D--IDQLSQYDIDHI  843
WP_044676715  778  QQRYKKIENAIK  NLNS  KILKEYP--TN---NQALQNDRLFLYYLQNGKDMYTDEEL--D--IDQLSQYDIDHI  845
WP_044680361  778  QQRYKKIENAIK  NLNS  KILKEYP--TN---NQALQNDRLFLYYLQNGKDMYTDEEL--D--IDQLSQYDIDHI  845
WP_044681799  776  QQRYKKIENAIK  NLNS  KILKEYP--TN---NQALQNDRLFLYYLQNGKDMYTDEEL--D--IDQLSQYDIDHI  843
WP_049533112  778  QQRLKLLQDSLK  PVNI  K-----N--VE---NQQLQNDRLFLYYIQNGKDMYTGETL--D--INNLSQYDIDHI  840
WP_029090905  753  TPRDKFIEKAYA  ETDT  EHLKELK---Qr--SKQLSSQRLFLYFIQNGKCMYSGEHL--D--IERLDSYEVDHI  823
WP_006506696  777  ESKIKKLENVYK  DEQT  SVLEELKg-FDn--TKKISSDSLFLYFTQLGKCMYSGKKL--D--IDSLDKYQIDHI  849
AIT42264      778  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  841
WP_034440723  785  KARLKKIQEGLE  NLDS  HVEKQAL---D---EEMLKSPKYYLYCLQNGKDIYTGKDL--D--IGQLQTYDIDHI  848
AKQ21048      778  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  841
WP_004636532  781  KERLEKLTEAIK  EFDG  --VKVKD--LK---NENLRNDRLYLYYLQNGRDMYTNEPL--D--INNLSKYDIDHI  845
WP_002364836  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_016631044  740  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  803
EMS75795      525  KPRLKALEEALK  SFDS  PLLKEQP--VD---NQALQKDRLYLYYLQNGKDMYTGEAL--D--IDRLSEYDIDHI  588
WP_002373311  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_002378009  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_002407324  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_002413717  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_010775580  791  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  854
WP_010818269  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
```

【数１３０】

```
WP_010824395  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_016622645  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_033624816  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_033625576  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_033789179  789  IQRLKIVEKAMA  EIGS  NLLKEQP--TT---NEQLRDTRLFLYYMQNGKDMYTGDEL--S--LHRLSHYDIDHI  852
WP_002310644  789  RPRLKALEESLK  DFGS  QLLKEYP--TD---NSSLQKDRLYLYYLQNGRDMYTGAPL--D--IHRLSDYDIDHI  852
WP_002312694  790  RPRLKALEESLK  DFGS  QLLKEYP--TD---NSSLQKDRLYLYYLQNGRDMYTGAPL--D--IHRLSDYDIDHI  853
WP_002314015  790  RPRLKALEESLK  DFGS  QLLKEYP--TD---NSSLQKDRLYLYYLQNGRDMYTGAPL--D--IHRLSDYDIDHI  853
WP_002320716  790  RPRLKALEESLK  DFGS  QLLKEYP--TD---NSSLQKDRLYLYYLQNGRDMYTGAPL--D--IHRLSDYDIDHI  853
WP_002330729  789  RPRLKALEESLK  DFGS  QLLKEYP--TD---NSSLQKDRLYLYYLQNGRDMYTGAPL--D--IHRLSDYDIDHI  852
WP_002335161  790  RPRLKALEESLK  DFGS  QLLKEYP--TD---NSSLQKDRLYLYYLQNGRDMYTGAPL--D--IHRLSDYDIDHI  853
WP_002345439  790  RPRLKALEESLK  DFGS  QLLKEYP--TD---NSSLQKDRLYLYYLQNGRDMYTGAPL--D--IHRLSDYDIDHI  853
WP_034867970  781  SPRLKALENGLK  QIGS  TLLKEQP--TD---NKALQKERLYLYYLQNGRDMYTGEPL--E--IENLHQYEVDHI  844
WP_047937432  790  RPRLKALEESLK  DFGS  QLLKEYP--TD---NSSLQKDRLYLYYLQNGRDMYTGAPL--D--IHRLSDYDIDHI  853
WP_010720994  781  KPRLKALENGLK  QIGS  TLLKEQP--TD---NKALQKERLYLYYLQNGRDMYTGEPL--E--IENLHQYEVDHI  844
WP_010737004  781  SPRLKALENGLK  QIGS  TLLKEQP--TD---NKALQKERLYLYYLQNGRDMYTGEPL--E--IENLHQYEVDHI  844
WP_034700478  781  KPRLKALENGLK  QIGS  TLLKEQP--TD---NKALQKERLYLYYLQNGRDMYTGEPL--E--IENLHQYEVDHI  844
WP_007209003  782  KPRLKGIENGLK  EFSD  SVLKGSS--ID---NKQLQNDRLYLYYLQNGKDMYTGHEL--D--IDHLSTYDIDHI  845
WP_023519017  775  RPRLKALEEALK  NIDS  PLLKDYP--TD---NQALQKDRLYLYYLQNGKDMYTGEPL--E--IHRLSEYDIDHI  838
WP_010770040  782  NPRMKALEEAMR  NLRS  NLLKEYP--TD---NQALQNDRLYLYYLQNGKDMYTGLDL--S--LHNLSSYDIDHI  845
WP_048604708  779  RPRLKNLEKAID  DLDS  EILKKHP--VD---NKALQKDRLYLYYLQNGKDMYTNEEL--D--IHKLSTYDIDHI  842
WP_010750235  784  KPRLKSLEEALK  NFDS  QLLKERP--VD---NQSLQKDRLYLYYLQNGKDMYTGESL--D--IDRLSEYDIDHI  847
AII16583      817  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  880
WP_029073316  789  DSFVNQMLKLYK  DFED  EANKHLKg-EDa--KSKIRSERLKLYYTQMGKCMYTGKSL--D--IDRLDTYQVDHI  860
WP_031589969  789  DSFVNQMLKLYK  DFED  EANKHLKg-EDa--KSKIRSERLKLYYTQMGKCMYTGKSL--D--IDRLDTYQVDHI  860
KDA45870      772  EDRVQQIVKNLK  ELPK  ------P---S---NAELSDERKYLYCLQNGRDMYTGAPL--D--YDHLQFYDVDHI  833
WP_039099354  789  KRQVEQVYQNIS  EL--  EIRNELK---Dl-sNSALSNTRLFLYFMQGGRDMYTGDSL--N--IDRLSTYDIDHI  856
AKP02966      786  RLQSKLLNKANG  -LVP  EELKKHKn--D------LSSERIMLYFLQNGKSLYSEESL--N--INKLSDYQVDHI  858
WP_010991369  781  RPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELRNNRLYLYYLQNGKDMYTGQDL--D--IHNLSNYDIDHI  844
WP_033838504  781  RPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELRNNRLYLYYLQNGKDMYTGQDL--D--IHNLSNYDIDHI  844
EHN60060      784  RPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELRNNRLYLYYLQNGKDMYTGQDL--D--IHNLSNYDIDHI  847
EFR89594      550  RPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQDL--D--IHNLSNYDIDHI  613
WP_038409211  781  KPRFISLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQCLKNDRLYLYYLQNGKDMYTGKEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
EFR95520      400  KPRFISLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQCLKNDRLYLYYLQNGKDMYTGKEL--D--IHNLSNYDIDHI  463
WP_003723650  781  KPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
WP_003727705  781  KPRYKSLEKAIK  DFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDIYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
WP_003730785  781  KPRYKSLEKAIK  DFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDIYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
WP_003733029  781  KPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
WP_003739838  781  RPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELRNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
```

【数１３１】

```
WP_014601172  781  KPRYKSLEKAIK  EFGS  KILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
WP_023548323  781  KPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
WP_031665337  781  KPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
WP_031669209  781  KPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
WP_033920898  781  KPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  844
AKI42028      784  KPRYKSLEKAIK  EFGS  KILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  847
AKI50529      784  KPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  847
EFR83390      229  RPRYKSLEKAIK  EFGS  QILKEHP--TD---NQELKNNRLYLYYLQNGKDIYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHI  292
WP_046323366  781  KPRFTSLEKAIK  ELGS  QILKEHP--TD---NQGLKNDRLYLYYLQNGKDMYTGQEL--D--IHNLSNYDIDHV  844
AKE81011      794  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  857
CUO82355      781  ESKIKKLENVYK  DEQT  SVLEELKg-FDn--TKKISSDSLFLYFTQLGKCMYSGKKL--D--IDSLDKYQIDHI  853
WP_033162887  784  ESKIAKLQKIYE  NLQT  QVYESLKk-EDa--KKRMETDALYLYYLQMGKSMYSGKPL--D--IDKLSTYQIDHI  855
AGZ01981      811  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  874
AKA60242      778  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDAI  841
AKS40380      778  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDHI  841
4UN5_B        782  RERMKRIEEGIK  ELGS  QILKEHP--VE---NTQLQNEKLYLYYLQNGRDMYVDQEL--D--INRLSDYDVDAI  845
```

【数１３２】

```
WP_010922251  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_039695303  852  IPQAFIKDDSIDNRVLTSSAKNRG-KSDD--VP   S--LDIVRARKA-EWVRLYKSGLISKRKFDNLTKA--ERGGLTE  920
WP_045635197  844  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP   S--IEVVQKRKA-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKA--ERGGLDE  912
5AXW_A        562  IPRSVSFDNSFNNKVLVKQEEASK-KGNR--TP   Fqy-LSSSDSKI-SYETFKKHILNLAKGKGRISKTk-KEYLLEE  632
WP_009880683  526  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWKQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  594
WP_010922251  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_011054416  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_011284745  842  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSNN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_011285506  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_011527619  842  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_012560673  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWKQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_014407541  841  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_020905136  842  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_023080005  841  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_023610282  841  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_030125963  842  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_030126706  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_031488318  842  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWKQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_032460140  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWKQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_032461047  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWKQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_032462016  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_032462936  842  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWKQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_032464890  842  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_033888930  667  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  735
WP_038431314  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_038432938  841  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_038434062  842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWKQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
BAQ51233      753  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  821
KGE60162      17   VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  85
KGE60856      ---  ----------------------------------  ----------------------------------------------
WP_002989955  842  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP   S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_003030002  841  IPQAFIKDNSLDNRVLTRSDKNRG-KSDD--VP   S--IEVVHEMKS-FWSKLLSVKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTE  909
WP_003065552  852  IPQAFIKDDSIDNRVLTSSAKNRG-KSDD--VP   S--LDIVRARKA-EWVRLYKSGLISKRKFDNLTKA--ERGGLTE  920
WP_001040076  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP   S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040078  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP   S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040080  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP   S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040081  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP   S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040083  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP   S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040085  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP   S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
```

【数１３３】

```
WP_001040087  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040088  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040089  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040090  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040091  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040092  847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLISQRKYDNLTKA--ERGGLTP  915
WP_001040094  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--VEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040095  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040096  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040097  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--VEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040098  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--VEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040099  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--VEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040100  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--VEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040104  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040105  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040106  847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDN--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040107  847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDN--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040108  847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDN--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040109  847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDN--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_001040110  847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDN--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_015058523  847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLISQRKYDNLTKA--ERGGLTP  915
WP_017643650  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--VEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_017647151  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_017648376  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_017649527  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_017771611  847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDN--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_017771984  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
CFQ25032      847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
CFV16040      847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
KLJ37842      847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
KLL72361      847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
KLL20707      861  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  929
KLL42645      847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDN--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_047207273  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_047209694  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--VEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_050198062  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_050201642  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_050204027  847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDN--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_050881965  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
```

【数１３４】

```
WP_050886065  847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
AHN30376      847  VPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--IDIVKARKA-FWKKLLDAKLISQRKYDNLTKA--ERGGLTP  915
EAO78426      847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
CCW42055      847  IPQAFIKDDSIDNRVLVSSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVKDCKV-FWKKLLDAKLMSQRKYDNLTKA--ERGGLTS  915
WP_003041502  841  IPQAYIKDDSFDNRVLTSSSENRG-KSDN--VP  S--IEVVCARKA-DWMRLRKAGLISQRKFDNLTKA--ERGGLTE  909
WP_037593752  842  IPQAFIKDNSLDNRVLTRSDKNRG-KSDD--VP  S--IEVVHEMKS-FWSKLLSVKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTE  910
WP_049516684  842  IPQAFIKDNSLDNRVLTRSDKNRG-KSDD--VP  S--IEVVHEMKS-FWSKLLSVKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTE  910
GAD46167      841  IPQAFIKDNSLDNRVLTRSDKNRG-KSDD--VP  S--IEVVHEMKS-FWSKLLSVKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTE  909
WP_018363470  850  IPQAFIKDDSIDNRVLTSSAKNRG-KSDD--VP  S--LGIVRARKA-EWVRLYKSGLISKRKFDNLTKA--ERGGLTE  918
WP_003043819  851  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSVENRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  919
WP_006269658  841  IPQAFIKDNSLDNRVLTRSDKNRG-KSDD--VP  S--IEVVHEMKS-FWSKLLSVKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTE  909
WP_048800889  841  IPQAFIKDDSIDNRVLTSSAKNRG-KSDN--VP  N--LEVVCDRKA-DWIRLREAGLISQRKFDNLTKA--ERGGLTE  909
WP_012767106  841  VPQSFIKDDSIDNKILTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_014612333  841  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_015017095  841  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDD--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_015057649  841  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_048327215  841  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDD--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_049519324  841  VPQSFIKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  909
WP_012515931  841  IPQSFIKNNSIDNKVLTSQGANRG-KLDN--VP  S--EAIVRKMKG-YWQSLLRAGAISKQKFDNLTKA--ERGGLTQ  909
WP_021320964  841  IPQSFIKNNSIDNKVLTSQGANRG-KLDN--VP  S--EAIVRKMKG-YWQSLLRAGAISKQKFDNLTKA--ERGGLTQ  909
WP_037581760  841  IPQSFIKNNSIDNKVLTSQGANRG-KLDN--VP  S--EAIVRKMKG-YWQSLLRAGAISKQKFDNLTKA--ERGGLTQ  909
WP_004232481  849  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSAKNRG-KSDD--VP  S--IEIVRNRKS-YWYKLYKSGLISKRKFDNLTKA--ERGGLTE  917
WP_009854540  850  IPQAFIKDDSIDNRVLTSSAKNRG-KSDD--VP  S--LDIVRARKA-EWVRLYKSGLISKRKFDNLTKA--ERGGLTE  918
WP_012962174  850  IPQAFIKDDSIDNRVLTSSAKNRG-KSDD--VP  S--LDIVHDRKA-DWIRLYKSGLISKRKFDNLTKA--ERGGLTE  918
WP_039695303  852  IPQAFIKDDSIDNRVLTSSAKNRG-KSDD--VP  S--LDIVRARKA-EWVRLYKSGLISKRKFDNLTKA--ERGGLTE  920
WP_014334983  849  IPQAFIKDNSIDNKVLTSSAKNRG-KSDD--VP  S--IEIVRNRRS-YWYKLYKSGLISKRKFDNLTKA--ERGGLTE  917
WP_003099269  842  IPQSFIKDNSIDNTVLTTQASNRG-KSDN--VP  N--IETVNKMKS-FWYKQLKSGAISQRKFDHLTKA--ERGALSD  910
AHY15608      842  IPQSFIKDNSIDNTVLTTQASNRG-KSDN--VP  N--IETVNKMKS-FWYKQLKSGAISQRKFDHLTKA--ERGALSD  910
AHY17476      842  IPQSFIKDNSIDNTVLTTQASNRG-KSDN--VP  N--IETVNKMKS-FWYKQLKSGAISQRKFDHLTKA--ERGALSD  910
ESR09100      ---  ----------------------------  ----------------------------------------  ---
AGM98575      842  IPQSFIKDNSIDNTVLTTQASNRG-KSDN--VP  N--IETVNKMKS-FWYKQLKSGAISQRKFDHLTKA--ERGALSD  910
ALF27331      842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_018372492  858  VPRSYIKNDSFDNKVLTTSKGNRK-KLDD--VP  A--KEVVEKMEN-TWRRLHAAGLISDIKLSYLMKGe----LTE  923
WP_045618028  845  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--LEIVQKRKA-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKA--ERGGLDE  913
WP_045635197  844  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--IEVVQKRKA-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKA--ERGGLDE  912
WP_002263549  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002263887  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002264920  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKG--ERGGLTD  910
WP_002269043  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
```

【数１３５】

```
WP_002269448  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--EDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002271977  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002272766  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKP-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002273241  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002275430  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKP-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002276448  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002277050  847  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKANRG-KSDD--VP  S--EDVVNRMRP-FWNKLLSSGLISQRKYNNLTKK--E---LTP  912
WP_002277364  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KNVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002279025  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKP-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002279859  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKG--ERGGLTD  910
WP_002280230  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002281696  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KNVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002282247  847  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKANRG-KSDD--VP  S--EDVVNRMRP-FWNKLLSSGLISQRKYNNLTKK--E---LTL  912
WP_002282906  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002283846  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KNVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002287255  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KNVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002288990  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002289641  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002290427  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKG--ERGGLTD  910
WP_002295753  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002296423  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KNVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002304487  856  IPQAFIKDNSIDNRVLTRSDKNRG-KSDD--VP  S--EEVVHKMKP-FWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  924
WP_002305844  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002307203  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_002310390  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKG--ERGGLTD  910
WP_002352408  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_012997688  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KNVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_014677909  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_019312892  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KNVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_019313659  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_019314093  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_019315370  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKP-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_019803776  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_019805234  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKG--ERGGLTD  910
WP_024783594  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_024784288  847  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKANRG-KSDD--VP  S--EDVVNRMRP-FWNKLLSSGLISQRKYNNLTKK--E---LTL  912
WP_024784666  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KNVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_024784894  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_024786433  847  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKANRG-KSDD--VP  S--EDVVNRMRP-FWNKLLSSGLISQRKYNNLTKK--E---LTL  912
```

【数１３６】

```
WP_049473442  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKP-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
WP_049474547  842  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KDVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  910
EMC03581      835  IPQAFIKDNSIDNRVLTSSKENRG-KSDD--VP  S--KNVVRKMKS-YWSKLLSAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLTD  903
WP_000428612  847  VPQAFIKDDSLDNRVLTSLKDNRG-KSDN--VP  S--LEVVEKMKT-FWQQLLDSKLISYRKFNNLTKA--ERGGLDE  915
WP_000428613  845  VPQAFIKDDSLDNRVLTSLKDNRG-KSDN--VP  S--IEVVQKRKA-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKA--ERGGLDE  913
WP_049523028  840  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--LEIVEKMKG-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKA--ERGGLDE  908
WP_003107102  811  IPQSFIKDNSIDNIVLTSQESNRG-KSDN--VP  Y--IAIVNKMKS-YWQHQLKSGAISQRKFDNLTKA--ERGGLSE  879
WP_054279288  843  IPRSFIKDDSIDNKVLTRSEHNRG-KTDN--VP  S--IEVVKRMKP-YWQKLLDTKVISQRKFDNLTKA--ERGGLQE  911
WP_049531101  845  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--LEVVQKRKA-FWQQLLESKLISERKFNNLTKA--ERGGLNE  913
WP_049538452  845  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  C--LEVVDKMKV-FWQQLLDFKLISYRKFNNLTKA--ERGGLDE  913
WP_049549711  845  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--LEVVQKRKA-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKAerERDGLNE  915
WP_007896501  847  IPQSFIKDNSIDNLVLTTQKANRG-KSDN--VP  S--IEVVRDMKDrVWRRQLANGAISRQKFDHLTKA--ERGGLAD  916
EFR44625      799  IPQSFIKDNSIDNLVLTTQKANRG-KSDN--VP  S--IEVVRDMKDrVWRRQLANGAISRQKFDHLTKA--ERGGLAD  868
WP_002897477  844  IPQAFIKDDSIDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--LEVVQKRKA-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKA--ERGGLDE  912
WP_002906454  844  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--IEVVQKRKA-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKA--KRGGLDE  912
WP_009729476  845  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--LEVVDKMKV-FWQQLLDSKLISYRKFNNLTKA--ERGGLNE  913
CQR24647      844  IPQSFIKDNSLDNRVLTNSKSNRG-KSDN--VP  S--NEVVKRMKG-FWLKQLDAKLISQRKFDNLTKA--ERGGLSA  912
WP_000066813  847  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--LEVVEKMKA-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKAerERGGLNE  917
WP_009754323  845  IPQAFIKDDSLDNRVLTSSKDNRG-KSDN--VP  S--LEVVKKRKA-FWQQLLDSKLISERKFNNLTKA--ERGGLDE  913
WP_044674937  844  IPQAFIKDDSLDNKVLTKSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVHKKKN-FWKQLLDSQLISQRKFDNLTKA--ERGGLTN  912
WP_044676715  846  IPQAFIKDDSLDNKVLTKSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVHKKKN-FWKQLLDSQLISQRKFDNLTKA--ERGGLTN  914
WP_044680361  846  IPQAFIKDDSLDNKVLTKSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVHKKKN-FWKQLLDSQLISQRKFDNLTKA--ERGGLTN  914
WP_044681799  844  IPQAFIKDDSLDNKVLTKSAKNRG-KSDD--VP  S--LEIVHKKKN-FWKQLLDSQLISQRKFDNLTKA--ERGGLTN  912
WP_049533112  841  IPQAFIKDDSFDNRVLTSSSENRG-KSDN--VP  S--IEVVRARKA-DWMRLRKAGLISQRKFDNLTKA--ERGGLTE  909
WP_029090905  824  LPQSYIKDNSIENLALVKKVENQR-KKDSllLN  S---SIINQNYS-RWEQLKNAGLIGEKKFRNLTRTk-----ITD  890
WP_006506696  850  VPQSLVKDDSFDNRVLVVPSENQR-KLDDlvVP  ---FDIRDKMYR-FWKLLFDHELISPKKFYSLIKTe-----YTE  916
AIT42264      842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLINAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_034440723  849  IPRSFITDNSFDNLVLTSSTVNRG-KLDN--VP  Sp--DIVRQQKG-FWKQLLRAGLMSQRKFNNLTKGk-----LTD  914
AKQ21048      842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
WP_004636532  846  IPQSFTTDNSIDNKVLVSRTKNQGnKSDD--VP  S--INIVHKMKP-FWRQLHKAGLISDRKFKNLTKA--EHGGLTE  915
WP_002364836  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKDMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_016631044  804  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKDMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  872
EMS75795      589  IPRSFIVDNSIDNKVLVSSKENRL-KMDD--VP  D--QKVVIRMRR-YWEKLLRANLISERKFAYLTKLe-----LTP  654
WP_002373311  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KKVVKKMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_002378009  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKDMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_002407324  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKDMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_002413717  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKDMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_010775580  855  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKKMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  923
WP_010818269  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKDMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
```

【数１３７】

```
WP_010824395  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKDMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_016622645  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKDMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_033624816  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKKMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_033625576  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKKMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_033789179  853  IPQSFMKDDSLDNLVLVGSTENRG-KSDD--VP  S--KEVVKKMKA-YWEKLYAAGLISQRKFQRLTKG--EQGGLTL  921
WP_002310644  853  IPRSFTTDNSIDNKVLVSSKENRL-KKDD--VP  S--EKVVKKMRS-FWYDLYSSKLISKRKLDNLTKIk-----LTE  918
WP_002312694  854  IPRSFTTDNSIDNKVLVSSKENRL-KKDD--VP  S--EKVVKKMRS-FWYDLYSSKLISKRKLDNLTKIk-----LTE  919
WP_002314015  854  IPRSFTTDNSIDNKVLVSSKENRL-KKDD--VP  S--EKVVKKMRS-FWYDLYSSKLISKRKLDNLTKIk-----LTE  919
WP_002320716  854  IPRSFTTDNSIDNKVLVSSKENRL-KKDD--VP  S--EKVVKKMRS-FWYDLYSSKLISKRKLDNLTKIk-----LTE  919
WP_002330729  853  IPRSFTTDNSIDNKVLVSSKENRL-KKDD--VP  S--EKVVKKMRS-FWYDLYSSKLISKRKLDNLTKIk-----LTE  918
WP_002335161  854  IPRSFTTDNSIDNKVLVSSKENRL-KKDD--VP  S--EKVVKKMRS-FWYDLYSSKLISKRKLDNLTKIk-----LTE  919
WP_002345439  854  IPRSFTTDNSIDNKVLVSSKENRL-KKDD--VP  S--EKVVKKMRS-FWYDLYSSKLISKRKLDNLTKIk-----LTE  919
WP_034867970  845  IPRSFIVDNSIDDKVLVASKQNQK-KRDD--VP  K--KQIVNEQRI-FWNQLKEAKLISTKKYAYLTKIe-----LTP  910
WP_047937432  854  IPRSFTTDNSIDNKVLVSSKENRL-KKDD--VP  S--EKVVKKMRS-FWYDLYSSKLISKRKLDNLTKIk-----LTE  919
WP_010720994  845  IPRSFIVDNSIDNKVLVASKQNQK-KRDD--VP  K--KQIVNEQRI-FWNQLKEAKLISPKKYAYLTKIe-----LTP  910
WP_010737004  845  IPRSFIVDNSIDNKVLVASKQNQK-KRDD--VP  K--KQIVNEQRI-FWNQLKEAKLISPKKYAYLTKIe-----LTP  910
WP_034700478  845  IPRSFIVDNSIDNKVLVASKQNQK-KRDD--VP  N--KQIVNEQRI-FWNQLKEAKLISPKKYAYLTKIe-----LTP  910
WP_007209003  846  IPQSFLTDNSIDNRVLTTSKSNRG-KSDN--VP  S--EEVVRKMDR-FWRKLLNAKLISERKYTNLTKKe-----LTE  911
WP_023519017  839  IPRSFIVDNSLDNKVLVSSKVNRG-KLDN--AP  D--PLVVKRMRS-HWEKLHQAKLISDKKLANITKQn-----LTE  904
WP_010770040  846  VPQSFTTDNSLDNRVLVSSKENRG-KKDD--VP  S--KEVVQKNIT-LWETLKNSNLISQKKYDNLTKG--LRGGLTE  914
WP_048604708  843  IPQSFIVDNSLDNRVLVSSSKNRG-KLDD--VP  S--KEVVKKMRA-FWESLYRSGLISKKKFDNLVKA--ESGGLSE  911
WP_010750235  848  IPRSFIVDHSLDNKVLVSSKENRL-KKDD--VP  D--SKVVKRMKA-YWEKLLRANLISERKFSYLTKLe-----LTD  913
AII16583      881  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  949
WP_029073316  861  VPQSLLKDDSIDNKVLVLSSENQR-KLDDlvIP  ---EMIRNKMFG-FWNKLYENKIISPKKFYSLIKSe-----YSD  927
WP_031589969  861  VPQSLLKDDSIDNKVLVLSSENQR-KLDDlvIP  ---SSIRNKMYG-FWEKLFNNKIISPKKFYSLIKTe-----FNE  927
KDA45870      834  IPQSFLKDDSIENKVLTIKKENVR-KTNG--LP  S--EAVIQKMGS-FWKKLLDAGAMTNKKYDNLRRNl--HGGLNE  902
WP_039099354  857  LPQSFIKDNSLDNRVLVSQRMNRS-KADQ--VP  S--VELGQKMQI-QWEQMLRAGLITKKKYDNLTLNp--------  923
AKP02966      859  LPRTYIPDDSLENKALVLAKENQR-KADDllLN  S---NVIDKNLE-RWTYMLNNNNMGLKKFKNLTRRv-----ITD  925
WP_010991369  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGDD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
WP_033838504  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGDD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
EHN60060      848  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGDD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  916
EFR89594      614  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGND--VP  P--LEIVQKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  682
WP_038409211  845  IPQSFITDNSIDNRVLVSSTANRE-KGDN--VP  L--LEVVRKRKA-FWEKLYQAKLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
EFR95520      464  IPQSFITDNSIDNRVLVSSTANRE-KGDN--VP  L--LEVVRKRKA-FWEKLYQAKLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  532
WP_003723650  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGGD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
WP_003727705  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGGD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
WP_003730785  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGGD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
WP_003733029  845  VPQSFITDNSVDNLVLTSSAGNRE-KGDN--VP  P--LEIVQKRKI-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
WP_003739838  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGDD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLFQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
```

【数１３８】

```
WP_014601172  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGGD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTD  913
WP_023548323  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGDN--VP  P--LEIVQKRKI-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
WP_031665337  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGGD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
WP_031669209  845  VPQSFITDNSVDNLVLTSSAGNRE-KGDN--VP  P--LEIVQKRKI-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
WP_033920898  845  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGDN--VP  P--LEIVQKRKI-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
AKI42028      848  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGGD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTD  916
AKI50529      848  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGDN--VP  P--LEIVQKRKI-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  916
EFR83390      293  VPQSFITDNSIDNLVLTSSAGNRE-KGDD--VP  P--LEIVRKRKV-FWEKLYQGNLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  361
WP_046323366  845  VPQSFITDNSIDNRVLASSAANRE-KGDN--VP  S--LEVVRKRKV-YWEKLYQAKLMSKRKFDYLTKA--ERGGLTE  913
AKE81011      858  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  926
CUO82355      854  VPQSLVKDDSFDNRVLVLPSENQR-KLDDlvVP  ---FDIRDKMYR-FWKLLFDHELISPKKFYSLIKTe-----YTE  920
WP_033162887  856  LPQSLIKDDSFDNRVLVLPEENQW-KLDSetVP  ---FEIRNKMIG-FWQMLHENGLMSNKKFFSLIRTd-----FSD  922
AGZ01981      875  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  943
AKA60242      842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
AKS40380      842  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  910
4UN5_B        846  VPQSFLKDDSIDNKVLTRSDKNRG-KSDN--VP  S--EEVVKKMKN-YWRQLLNAKLITQRKFDNLTKA--ERGGLSE  914
```

【数１３９】

```
                                                
```

```
WP_001040087  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040088  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040089  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040090  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040091  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040092  916  DD  KAGFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNKVDDNNKPIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040094  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040095  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040096  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040097  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040098  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040099  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040100  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040104  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040105  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_001040106  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNDY  986
WP_001040107  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNDY  986
WP_001040108  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNDY  986
WP_001040109  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNDY  986
WP_001040110  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNDY  986
WP_015058523  916  DD  KAGFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNKVDDNNKPIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_017643650  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_017647151  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_017648376  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_017649527  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_017771611  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNDY  986
WP_017771984  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
CFQ25032      916  DD  KARFIQRQLVEIRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
CFV16040      916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTVKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
KLJ37842      916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
KLJ72361      916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDELFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
KLL20707      930  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  1000
KLL42645      916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNDY  986
WP_047207273  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_047209694  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_050198062  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_050201642  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVASILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
WP_050204027  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNDY  986
WP_050881965  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
```

【数１４１】

```
WP_050886065  916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
AHN30376      916  DD  KAGFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNKVDDNNKPIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
EAO78426      916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNNY  986
CCW42055      916  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDERFNNELDSKGRRIR--KVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKIREVNDY  986
WP_003041502  910  ND  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQVLDARFNAKHDENKKVIR--DVKIITLKSNLVSQFRKDF  KFYKVREINDY  980
WP_037593752  911  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDERFNTEFDGAQRRIR--NVKIITLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_049516684  911  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDERFNTEFDGAQRRIR--NVKIITLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
GAD46167      910  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDERFNTEFDGAQRRIR--NVKIITLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  980
WP_018363470  919  AD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARFNTERDENDKVIR--DVKVITLKSNLVSQFRKEF  KFYKVREINDY  989
WP_003043819  920  AD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDSRMNTKRDKNDKPIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QLYKVRDINNY  990
WP_006269658  910  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDERFNTEFDGNKRRIR--NVKIITLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  980
WP_048800889  910  ND  KAGFIHRQLVETRQITKHVAQILDARFNPKRDDNKKVIR--DVKIITLKSNLVSQFRRDF  KLYKVREINDY  980
WP_012767106  910  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QFYKVREINNY  980
WP_014612333  910  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QFYKVREINNY  980
WP_015017095  910  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QFYKVREINNY  980
WP_015057649  910  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QFYKVREINNY  980
WP_048327215  910  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QFYKVREINNY  980
WP_049519324  910  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QFYKVREINNY  980
WP_012515931  910  VD  KAGFIQRQLVETRQITKHVAQILDSRFNTEFDDHNKRIR--KVHIITLKSKLVSDFRKEF  GLYKIRDINHY  980
WP_021320964  910  VD  KAGFIQRQLVETRQITKHVAQILDSRFNTEFDDHNKRIR--KVHIITLKSKLVSDFRKEF  GLYKIRDINHY  980
WP_037581760  910  VD  KAGFIQLQLVETRQITKHVAQILDSRFNTEFDDHNKRIR--KVHIITLKSKLVSDFRKEF  GLYKIRDINHY  980
WP_004232481  918  TD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARFNTKCDENDKVIR--DVKVITLKSSLVSQFRKEF  KFYKVREINDY  988
WP_009854540  919  AD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARFNTEHDENDKVIR--DVKVITLKSNLVSQFRKDF  EFYKVREINDY  989
WP_012962174  919  ND  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRFNTERDENDKVIR--NVKVITLKSNLVSQFRKDF  KFYKVREINDY  989
WP_039695303  921  AD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARFNTEHDENDKVIR--DVKVITLKSNLVSQFRKDF  EFYKVREINDY  991
WP_014334983  918  AD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARFNTKRDENDKVIR--DVKVITLKSNLVSQFRKEF  KFYKVREINDY  988
WP_003099269  911  FD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRFNSNLTEDSKSNR--NVKIITLKSKMVSDFRKDF  GFYKLREVNDY  981
AHY15608      911  FD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRFNSNLTEDSKSNR--NVKIITLKSKMVSDFRKDF  GFYKLREVNDY  981
AHY17476      911  FD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRFNSNLTEDSKSNR--NVKIITLKSKMVSDFRKDF  GFYKLREVNDY  981
ESR09100      --  --  ----------------------------------------  ----------  ----
AGM98575      911  FD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRFNSNLTEDSKSNR--NVKIITLKSKMVSDFRKDF  GFYKLREVNDY  981
ALF27331      911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_018372492  924  ED  KAGFIRRQLVETRQITKHVARLLDEKLNRKKNENGEKLR--TTKLITLKSVFASRFRANF  DLYKLRELNHY  994
WP_045618028  914  RD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARFNTEVTEKDKKDR--SVKIITLKSNLVSNFRKEF  RLYKVREINDY  984
WP_045635197  913  RD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARYNTEVNEKDKKNR--TVKIITLKSNLVSNFRKEF  RLYKVREINDY  983
WP_002263549  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002263887  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002264920  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002269043  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
```

【数１４２】

```
WP_002269448  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFYTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002271977  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFYTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002272766  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002273241  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFYTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002275430  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002276448  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFYTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002277050  913  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARMLDERFNKEFDDNNKRIR--RVKIVTLKSNLVSSFRKEF  ELYKVREINDY  983
WP_002277364  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002279025  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002279859  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002280230  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFYTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002281696  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002282247  913  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARMLDERFNKEFDDNNKRIR--RVKIVTLKSNLVSSFRKEF  ELYKVREINDY  983
WP_002282906  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002283846  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002287255  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002288990  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002289641  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002290427  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002295753  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFYTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002296423  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002304487  925  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  995
WP_002305844  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFYTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002307203  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002310390  911  DD  KAGFIKHQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_002352408  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_012997688  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_014677909  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFYTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_019312892  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_019313659  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_019314093  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_019315370  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_019803776  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_019805234  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_024783594  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_024784288  913  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARMLDERFNKEFDDNNKRIR--RVKIVTLKSNLVSSFRKEF  ELYKVREINDY  983
WP_024784666  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_024784894  911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY  981
WP_024786433  913  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARMLDERFNKEFDDNNKRIR--RVKIVTLKSNLVSSFRKEF  ELYKVREINDY  983
```

【数１４３】

```
WP_049473442 911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY 981
WP_049474547 911  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY 981
EMC03581     904  DD  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFHTETDENNKKIR--QVKIVTLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY 974
WP_000428612 916  RD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARYNTEVNEKDKKNR--TVKIITLKSNLVSNFRKEF  RLYKIREINDY 986
WP_000428613 914  RD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARFNKEVNEKDKKNR--TVKIITLKSNLVSNFRKEF  RLYKVREINDY 984
WP_049523028 909  RD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQILDDRFNAEVNEKNQKLR--SVKIITLKSNLVSNFRKEF  GLYKVREINDY 979
WP_003107102 880  YD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILNNRFNNNVDDSSKNKR--PVKIITLKSKMVSDFRKEF  GFYKIREVNDY 950
WP_054279288 912  SD  KANFIQRQLVETRQITKHVAQILDSRFNTERDEKDRPIR--RVKVITLKSKFVSDFRQDF  GFYKLREINDY 982
WP_049531101 914  RD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRFNTKVNEKNQKIR--TVKIITLKSNLVSNFRKEF  RLYKVREINDY 984
WP_049538452 914  RD  KVGFIRRQLVETRQITKHVAQILDSRFNTEVTEKDKKNR--NVKIITLKSNLVSNFRKEF  GLYKVREINDY 984
WP_049549711 916  LD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARFNKEVTEKDKKNR--NVKIITLKSNLVSNFRKEF  RLYKVREINDY 986
WP_007896501 917  SD  KARFLRRQLVETRQITKHVAQLLDSRFNSKSNQNKKLAR--NVKIITLKSKIVSDFRKDF  GLYKLREVNNY 987
EFR44625     869  SD  KARFLRRQLVETRQITKHVAQLLDSRFNSKSNQNKKLAR--NVKIITLKSKIVSDFRKDF  GLYKLREVNNY 939
WP_002897477 913  RD  KVGFIRRQLVETQQITKNVAQILDARFNTEVKEKNQKIR--TVKIITLKSNLVSNFRKEF  GLYKVREINNY 983
WP_002906454 913  RD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQLLDTRFNTEVNEENQKIR--TVKIITLKSNLVSNFRKEF  GLYKVREINDY 983
WP_009729476 914  LD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQILDARFNKEVTEKDKKNR--TVKIITLKSNLVSNFRKEF  ELYKVREINDY 984
CQR24647     913  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVARILDERFNRDFDKNDKRIR--NVKIVTLKSNLVSNFRKEF  GFYKVREINNF 983
WP_000066813 918  LD  KVGFIKRQLVETRQITKHVAQFLDARFNKEVTEKDKKNR--NVKIITLKSNLVSNFRKEF  GLYKVREINDY 988
WP_009754323 914  RD  KVGFIKRQLVETRQITKHVARILDARFNTEVSEKNQKIR--SVKIITLKSNLVSNFRKEF  KLYKVREINDY 984
WP_044674937 913  ED  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDTRFNTKLDEAGNRIRdpKVNIITLKSNLVSQFRKDY  QLYKVREINNY 985
WP_044676715 915  ED  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDTRFNTKLDEAGNRIRdpKVNIITLKSNLVSQFRKDY  QLYKVREINNY 987
WP_044680361 915  ED  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDTRFNTKLDEAGNRIRdpKVNIITLKSNLVSQFRKDY  QLYKVREINNY 987
WP_044681799 913  ED  KARFIQRQLVETRQITKHVARILDTRFNTKLDEAGNRIRdpKVNIITLKSNLVSQFRKDY  QLYKVREINNY 985
WP_049533112 910  ND  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQVLDARFNAKHDENKKVIR--DVKIITLKSNLVSQFRKDF  KFYKVREINDY 980
WP_029090905 891  RD  KEGFIARQLVETRQITKHVTQLLQQEY----------K-dTTKVFAIKATLVSGLRRKF  EFIKNRNVNDY 951
WP_006506696 917  RD  EERFINRQLVETRQITKNVTQIIEDHYST----------TKVAAIRANLSHEFRVKN  HIYKNRDINDY 976
AIT42264     911  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QFYKVREINNY 981
WP_034440723 915  RD  RQQFINRQLVETRQITKHVANLLSHHLNEK-----KEVG--EINIVLLKSALTSQFRKKF  DFYKVREVNDY 980
AKQ21048     911  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QFYKVREINNY 981
WP_004636532 916  AD  RAHFLNRQLVETRQITKHVANLLDSQYNTAEEQ-----R---INIVLLKSSMTSRFRKEF  KLYKVREINDY 980
WP_002364836 922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNANSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY 987
WP_016631044 873  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY 938
EMS75795     655  ED  KARFIQRQLVETRQITKHVAAILDQYFN-QPEE-SK-NK--GIRIITLKSSLVSQFRKTF  GINKVREINNH 722
WP_002373311 922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY 987
WP_002378009 922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY 987
WP_002407324 922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY 987
WP_002413717 922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILNQRYNANSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY 987
WP_010775580 924  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY 989
WP_010818269 922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY 987
```

【数１４４】

```
WP_010824395  922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQLYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY  987
WP_016622645  922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY  987
WP_033624816  922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY  987
WP_033625576  922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY  987
WP_033789179  922  ED  KAHFIQRQLVETRQITKNVAGILDQRYNAKSKE-----K--KVQIITLKASLTSQFRSIF  GLYKVREVNDY  987
WP_002310644  919  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAGILHHRFN-KAEDTNEPIR--KVRIITLKSALVSQFRNRF  GIYKVREINEY  988
WP_002312694  920  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAGILHHRFN-KAEDTNDPIR--KVRIITLKSALVSQFRNRF  GIYKVREINEY  989
WP_002314015  920  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAGILHHRFN-KAEDTNEPIR--KVRIITLKSALVSQFRNRF  GIYKVREINEY  989
WP_002320716  920  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAGILHHRFN-KAEDTNEPIR--KVRIITLKSALVSQFRNRF  GIYKVREINEY  989
WP_002330729  919  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAGILHHRFN-KAEDTNEPIR--KVRIITLKSALVSQFRNRF  GIYKVREINEY  988
WP_002335161  920  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAGILHHRFN-KAEDTNEPIR--KVRIITLKSALVSQFRNRF  GIYKVREINEY  989
WP_002345439  920  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAGILHHRFN-KAEDTNEPIR--KVRIITLKSALVSQFRNRF  GIYKVREINEY  989
WP_034867970  911  ED  KARFIQRQLVETRQITKHVANILHQSFN-QEEEGTD-CD--GVQIITLKATLTSQFRQTF  GLYKVREINPH  979
WP_047937432  920  ED  KAGFIKRQLVETRQITKHVAGILHHRFN-KAEDTNEPIR--KVRIITLKSALVSQFRNRF  GIYKVREINEY  989
WP_010720994  911  ED  KARFIQRQLVETRQITKHVANILHQSFN-QEEEGTD-CD--GVQIITLKATLTSQFRQTF  GLYKVREINPH  979
WP_010737004  911  ED  KARFIQRQLVETRQITKHVANILHQSFN-QEEEGTD-CD--GVQIITLKATLTSQFRQTF  GLYKVREINPH  979
WP_034700478  911  ED  KARFIQRQLVETRQITKHVANILHQSFN-QEEEGTD-CD--GVQIITLKATLTSQFRQTF  GLYKVREINPH  979
WP_007209003  912  SD  KAGFLKRQLVETRQITKHVATILDSKFNE--DSNNRDVQ-----IITLKSALVSEFRKTF  NLYKVREINDL  977
WP_023519017  905  AD  KARFIQRQLVETRQITKHVANLLHQHFN-LPEEVSA-TE--KTSIITLKSTLTSQFRQMF  DIYKVREINHH  973
WP_010770040  915  DD  RAHFIKRQLVETRQITKHVARILDQRFNSQKDEEGKTIR--AVRVVTLKSSLTSQFRKQF  AIHKVREINDY  985
WP_048604708  912  DD  KAGFIHRQLVETRQITKNVARILHQRFNSEKDEEGNLIR--KVRIITLKSALTSQFRKNY  GIYKIREINDY  982
WP_010750235  914  DD  KARFIQRQLVETRQITKHVAAILHQYFN-QTQELEK-EK--DIRIITLKSSLVSQFRQVF  GIHKVREINHH  982
AII16583      950  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  QFYKVREINNY  1020
WP_029073316  928  KD  KERFINRQIVETRQITKHVAQIISNHYET----------------TKVVTVRADLSHAFRERY  HIYKNRDINDF  987
WP_031589969  928  KD  QERFINRQIVETRQITKHVAQIIDNHYEN----------------TKVVTVRADLSHQFRERY  HIYKNRDINDF  987
KDA45870      903  KL  KERFIERQLVETRQITKYVAQLLDQRLN--YDGNGVELD-eKIAIVTLKAQLASQFRSEF  KLRKVRALNNL  972
WP_039099354  924  -D  MKGFINRQLVETRQVIKLATNLLMEQYGED----------NIELITVKSGLTHQMRTEF  DFPKNRNLNNH  990
AKP02966      926  KD  KLGFIHRQLVQTSQMVKGVANILNSMYK---NQGTTCIQ----------ARANLSTAFRKAL  ELVKNRNNINDF  999
WP_010991369  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNYEKDDHGNTMK--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  QLYKVRDVNDY  984
WP_033838504  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNYEKDDHGNTMK--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  QLYKVRDVNDY  984
EHN60060      917  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNYEKDDHGNTMK--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  QLYKVRDVNDY  987
EFR89594      683  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNYGKDDHGNTMK--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  QLYKVRGVNDY  753
WP_038409211  914  AD  KANFIQRQLVETRQITKNVANILYQRFNCKQDENGNEVE--QVRIVTLKSTLVSQFRKQF  QLYKVREVNDY  984
EFR95520      533  AD  KANFIQRQLVETRQITKNVANILYQRFNCKQDENGNEVE--QVRIVTLKSTLVSQFRKQF  QLYKVREVNDY  603
WP_003723650  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILYQRFNKETDNHGNTME--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  QLYKVREVNGY  984
WP_003727705  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNKETDNHGNTME--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  QLYKVREVNDY  984
WP_003730785  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNKETDNHGNTME--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  QLYKVREVNDY  984
WP_003733029  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNYKTDGNKDTME--TVRIVTLKSALVSQFRKQF  QFYKVREVNDY  984
WP_003739838  914  AD  KATFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNNETDNHGNNME--QVRIVMLKSALVSQFRKQF  QLYKVREVNDY  984
```

【数１４５】

```
WP_014601172  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNNETDNHGNTME--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  984
WP_023548323  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNYKTDDNEDTME--PVRIVTLKSALVSQFRKQF  984
WP_031665337  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNKETDNHGNTME--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  984
WP_031669209  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNYKTDGNKDTME--TVRIVTLKSALVSQFRKQF  984
WP_033920898  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNYKTDDNEDTME--PVRIVTLKSALVSQFRKQF  984
AKI42028      917  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNNETDNHGNTME--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  987
AKI50529      917  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNYKTDDNEDTME--PVRIVTLKSALVSQFRKQF  987
EFR83390      362  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNNETDNHGNTME--QVRIVTLKSALVSQFRKQF  432
WP_046323366  914  AD  KARFIHRQLVETRQITKNVANILHQRFNCKKDESGNVIE--QVRIVTLKAALVSQFRKQF  984
AKE81011      927  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  997
CUO82355      921  RD  EERFINRQLVETRQITKNVTQIIEDHYST----------------TKVAAIRANLSHEFRVKN  980
WP_033162887  923  KD  KERFINRQLVETRQIIKNVAVIINDHYTN----------------TNIVTVRAELSHQFRERY  982
AGZ01981      944  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  1014
AKA60242      911  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  981
AKS40380      911  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  981
4UN5_B        915  LD  KAGFIKRQLVETRQITKHVAQILDSRMNTKYDENDKLIR--EVKVITLKSKLVSDFRKDF  985
```

【数１４６】

```
WP_010922251  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_039695303  992  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-ASEFVYGEYKKYDI  S---SD------   KATAK--YfFYSNLM-NFFKTKVK  1058
WP_045635197  984  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGEYQKYDL  SkdpKEV---EK   ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1055
5AXW_A        703  HHAEDALI----------------IaNADFIFKEWKKLDK  Nq-mFE---EK   ETEQEykEiFITPHQiKHIKDFKD  771
WP_009880683  666  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDI  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  735
WP_010922251  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_011054416  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_011284745  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_011285506  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_011527619  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_012560673  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDI  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_014407541  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_020905136  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_023080005  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_023610282  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_030125963  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_030126706  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_031488318  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_032460140  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDI  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_032461047  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDI  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_032462016  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_032462936  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_032464890  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_033888930  807  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  876
WP_038431314  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_038432938  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_038434062  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
BAQ51233      893  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  962
KGE60162      157  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  226
KGE60856      ---  ------------------------------------  ----------   ------------------------
WP_002989955  982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_003030002  981  HHAHDAYLNAVVGNALLLKYPQL-EPEFVYGEYPKYN-  S---YR---sRK   SATEK--FlFYSNIL-RFFKKE--  1041
WP_003065552  992  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-ASEFVYGEYKKYDI  S---SD------   KATAK--YfFYSNLM-NFFKRVIR  1058
WP_001040076  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK   ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040078  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGLYRRKK-  L---SKI---VR   ATRKM--F-FYSNLM-NMFKRVVR  1057
WP_001040080  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK   ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040081  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK   ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040083  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK   ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040085  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK   ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
```

【数１４７】

```
WP_001040087  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040088  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040089  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040090  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040091  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040092  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040094  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040095  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040096  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040097  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040098  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040099  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040100  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040104  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040105  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040106  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040107  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040108  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EREFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040109  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_001040110  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_015058523  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_017643650  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_017647151  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_017648376  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_017649527  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_017771611  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_017771984  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
CFQ25032      987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
CFV16040      987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
KLJ37842      987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
KLJ72361      987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
KLL20707     1001  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1063
KLL42645      987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_047207273  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_047209694  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_050198062  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_050201642  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_050204027  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_050881965  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
```

【数１４８】

```
WP_050886065  987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
AHN30376      987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
EAO78426      987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
CCW42055      987  HHAHDAYLNAVVAKAILTKYPQL-EPEFVYGDYPKYN-  S---YKT---RK  ATEKL--F-FYSNIM-NFFKTKVT  1049
WP_003041502  981  HHAHDAYLNAVIGTALLKKYPKL-ASEFVYGEFKKYDV  S---DK---eIG  KATAK--YfFYSNLM-NFFKKEVK  1050
WP_037593752  982  HHAHDAYLNAVVGNALLKYPQL-EPEFVYGEYPKYN-  S---YR---sRK  SATEK--FlFYSNIL-RFFKKE--  1042
WP_049516684  982  HHAHDAYLNAVVGNALLKYPQL-EPEFVYGEYPKYN-  S---YR---sRK  SATEK--FlFYSNIL-RFFKKE--  1042
GAD46167      981  HHAHDAYLNAVVGNALLKYPQL-EPEFVYGEYPKYN-  S---YR---sRK  SATEK--FlFYSNIL-RFFKKE--  1041
WP_018363470  990  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-APEFVYGEYKKYDV  S---SDDhseMG  KATAK--YfFYSNLM-NFFKRVIR  1062
WP_003043819  991  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKR--F-FYSNIM-NFFKTEVK  1060
WP_006269658  981  HHAHDAYLNAVVGNALLKYPQL-EPEFVYGEYPKYN-  S---YR---sRK  SATEK--FlFYSNIL-RFFKKE--  1041
WP_048800889  981  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-TSEFVYGEYKKYDV  S---DND--eIG  KATAK--YfFYSNLM-NFFKTEVK  1051
WP_012767106  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYTKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKR--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_014612333  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKR--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_015017095  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKR--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_015057649  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKR--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_048327215  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKR--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_049519324  981  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKR--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1050
WP_012515931  981  HHAHDAYLNAVVAKAILGKYPQL-APEFVYGDYPKYN-  S---FKEr--QK  ATQKM--L-FYSNIL-KFFKDQES  1043
WP_021320964  981  HHAHDAYLNAVVAKAILGKYPQL-APEFVYGDYPKYN-  S---FKEr--QK  ATQKT--L-FYSNIL-KFFKDQES  1043
WP_037581760  981  HHAHDAYLNAVVAKAILGKYPQL-APEFVYGDYPKYN-  S---FKEr--QK  ATQKT--L-FYSNIL-KFFKDQES  1043
WP_004232481  989  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-APEFVYGEYKKYDV  S---SDNhseLG  KATAK--YfFYSNLM-NFFKTEVK  1061
WP_009854540  990  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-ASEFVYGEYKKYDI  S---SD------  KATAK--YfFYSNLM-NFFKTKVK  1056
WP_012962174  990  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-APEFVYGEYKKYDI  S---GD------  KATAK--YfFYSNLM-NFFKRVIR  1056
WP_039695303  992  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-ASEFVYGEYKKYDI  S---SD------  KATAK--YfFYSNLM-NFFKTKVK  1058
WP_014334983  989  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-TPEFVYGEYKKYDV  S---SDDyseMG  KATAK--YfFYSNLM-NFFKTEVK  1061
WP_003099269  982  HHAQDAYLNAVVGTALLKKYPKL-EAEFVYGDYKHYDL  P---DSS1--GK  ATTRM--F-FYSNLM-NFFKKEIK  1051
AHY15608      982  HHAQDAYLNAVVGTALLKKYPKL-EAEFVYGDYKHYDL  P---DSS1--GK  ATTRM--F-FYSNLM-NFFKKEIK  1051
AHY17476      982  HHAQDAYLNAVVGTALLKKYPKL-EAEFVYGDYKHYDL  P---DSS1--GK  ATTRM--F-FYSNLM-NFFKKEIK  1051
ESR09100      ---  ------------------------------------  ----------  ------------------------  ----
AGM98575      982  HHAQDAYLNAVVGTALLKKYPKL-EAEFVYGDYKHYDL  P---DSS1--GK  ATTRM--F-FYSNLM-NFFKKEIK  1051
ALF27331      982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_018372492  995  HHAHDAYLNAVVAQALLKVYPKF-ERELVYGSYVKESI  ----FS----RK  ATERM---rMYNNIL-KFISKD--  1055
WP_045618028  985  HHAHDPYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  TkdpKEV---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1056
WP_045635197  984  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGEYQKYDL  SkdpKEV---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1055
WP_002263549  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002263887  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002264920  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002269043  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
```

【数１４９】

```
WP_002269448  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002271977  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002272766  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HE---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002273241  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002275430  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HE---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002276448  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002277050  984  HHAHDAYLNAVVKALLVKYPKL-EPEFVYGEYPKYN-  S---YR---eRK  ATQKM--F-FYSNIM-NMFKSKVK  1046
WP_002277364  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002279025  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HE---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002279859  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002280230  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002281696  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002282247  984  HHAHDAYLNAVVKALLVKYPKL-EPEFVYGEYPKYN-  S---YR---eRK  ATQKM--F-FYSNIM-NMFKSKVK  1046
WP_002282906  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002283846  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002287255  982  HHTHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002288990  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002289641  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002290427  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002295753  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002296423  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002304487  996  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKG--  1055
WP_002305844  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002307203  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002310390  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_002352408  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_012997688  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_014677909  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_019312892  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_019313659  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_019314093  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HE---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_019315370  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_019803776  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_019805234  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_024783594  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_024784288  984  HHAHDAYLNAVVKALLVKYPKL-EPEFVYGEYLKYN-  S---YR---eRK  ATQKM--F-FYSNIM-NMFKSKVK  1046
WP_024784666  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_024784894  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_024786433  984  HHAHDAYLNAVVKALLVKYPKL-EPEFVYGEYPKYN-  S---YR---eRK  ATQKM--F-FYSNIM-NMFKSKVK  1046
```

【数１５０】

```
WP_049473442  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HE---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
WP_049474547  982  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1041
EMC03581      975  HHAHDAYLNAVIGKALLGVYPQL-EPEFVYGDYPHFH-  G---HK---eNK  ATAKK--F-FYSNIM-NFFKKD--  1034
WP_000428612  987  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  SkdpKEI---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1058
WP_000428613  985  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  SrnpKEV---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1056
WP_049523028  980  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  TkdpKEI---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKDKVY  1051
WP_003107102  951  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-EAEFVYGDYKHYDL  S---DTSl--GK  ATAKM--F-FYSNIM-NFFKKEVR  1020
WP_054279288  983  HHAHDAYLNAVVGTALLKMYPKL-ASEFVYGDYQKYDL  S---GKAs--GH  ATAKY--F-FYSNLM-NFFKSEVK  1052
WP_049531101  985  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  SrdpKEI---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1056
WP_049538452  985  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  SkdpKDI---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1056
WP_049549711  987  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKNDL  SkdpKDI---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1058
WP_007896501  988  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-EAEFVYGDYKHFDL  S---DPSl--GK  ATAKV--F-FYSNIM-NFFKEELS  1057
EFR44625      940  HHAHDAYLNAVVGTALLKKYPKL-EAEFVYGDYKHFDL  S---DPSl--GK  ATAKV--F-FYSNIM-NFFKEELS  1009
WP_002897477  984  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  FkpsKEI---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVL  1055
WP_002906454  984  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  SkasNTI---DK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEKVR  1055
WP_009729476  985  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  SkdpKEI---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1056
CQR24647      984  HHAHDAYLNAVVAKALLIRYPKL-EPEFVYGEYPKYN-  S---YRE---RK  ATEKM--F-FYSNIM-NMFKTTIK  1046
WP_000066813  989  HHAHDAYLNAVLAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  SrepKEV---EK  ATQKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1060
WP_009754323  985  HHAHDAYLNAVVAKAILKKYPKL-EPEFVYGDYQKYDL  SkdpKEV---EK  ATEKY--F-FYSNLL-NFFKEEVH  1056
WP_044674937  986  HHAHDAYLNAVVATALLKKYPQL-APEFVYGDYPKYN-  S---YKS---RK  ATEKV--L-FYSNIM-NFFRRVLV  1048
WP_044676715  988  HHAHDAYLNAVVATALLKKYPQL-APEFVYGDYPKYN-  S---YKS---RK  ATEKV--L-FYSNIM-NFFRRVLV  1050
WP_044680361  988  HHAHDAYLNAVVATALLKKYPQL-APEFVYGDYPKYN-  S---YKS---RK  ATEKV--L-FYSNIM-NFFRRVLV  1050
WP_044681799  986  HHAHDAYLNAVVATALLKKYPQL-APEFVYGDYPKYN-  S---YKS---RK  ATEKV--L-FYSNIM-NFFRRVLV  1048
WP_049533112  981  HHAHDAYLNAVIGTALLKKYPKL-ASEFVYGEFKKYDV  S---DK---eIG  KATAK--YfFYSNLM-NFFKKEVK  1050
WP_029090905  952  HHAQDAFLVAFLGTNITSNYPKI-EMEYLFKGYQHYLN  ------Ev--GK  AAKPKftF-IVENLS--------  1007
WP_006506696  977  HHAHDAYIVALIGGFMRDRYPNMhDSKAVYSEYMKMFR  ----NKNd--QK  -----g---FVINSM-NYPY-EV-  1038
AIT42264      982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_034440723  981  HHAHDAYLNGVIALKLLELYPYM-AKDLIYGKYSYHRK  G---------DK  ATQAK--Y-KMSNII-ERFSQDL-  1041
AKQ21048      982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
WP_004636532  981  HHGHDAYLNAVVATTIMKVYPNL-KPQFVYGQYKKTSM  ----FKE---EK  ATARK--H-FYSNIT-KFFKKEKV  1042
WP_002364836  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQT  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  1047
WP_016631044  939  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQT  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  998
EMS75795      723  HHAHDAYLNGVVAIALLKKYPKL-EPEFVYGNYTKFNL  ----AT---eNK  ATAKK--E-FYSNIL-RFFEKE--  782
WP_002373311  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQA  ----FKE---NK  ATAKT--I-IYTNLM-RFFTED--  1047
WP_002378009  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQT  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  1047
WP_002407324  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQT  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  1047
WP_002413717  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQT  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  1047
WP_010775580  990  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQA  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  1049
WP_010818269  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQT  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  1047
```

【数１５１】

```
WP_010824395  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQT  ----FKE---NK  ATAKT--I-IYTNLM-RFFTED--  1047
WP_016622645  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQT  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  1047
WP_033624816  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQA  ----FKE---NK  AMAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  1047
WP_033625576  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQA  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLM-RFFTEV--  1047
WP_033789179  988  HHGQDAYLNCVVATTLLKVYPNL-APEFVYGEYPKFQA  ----FKE---NK  ATAKA--I-IYTNLL-RFFTED--  1047
WP_002310644  989  HHAHDAYLNGVVALALLKKYPQL-APEFVYGEYLKFNA  ----HK---aNK  ATVKK--E-FYSNIM-KFFESD--  1048
WP_002312694  990  HHAHDAYLNGVVALALLKKYPQL-APEFVYGEYLKFNA  ----HK---aNK  ATVKK--E-FYSNIM-KFFESD--  1049
WP_002314015  990  HHAHDAYLNGVVALALLKKYPQL-APEFVYGEYLKFNA  ----HK---aNK  ATVKK--E-FYSNIM-KFFESD--  1049
WP_002320716  990  HHAHDAYLNGVVALALLKKYPQL-APEFVYGEYLKFNA  ----HK---aNK  ATVKK--E-FYSNIM-KFFESD--  1049
WP_002330729  989  HHAHDAYLNGVVALALLKKYPQL-APEFVYGEYLKFNA  ----HK---aNK  ATVKK--E-FYSNIM-KFFESD--  1048
WP_002335161  990  HHAHDAYLNGVVALALLKKYPQL-APEFVYGEYLKFNA  ----HK---aNK  ATVKK--E-FYSNIM-KFFESD--  1049
WP_002345439  990  HHAHDAYLNGVVALALLKKYPQL-APEFVYGEYLKFNA  ----HK---aNK  ATVKK--E-FYSNIM-KFFESD--  1049
WP_034867970  980  HHAHDAYLNGFIANVLLKRYPKL-APEFVYGKVVKYSL  ----AR---eNK  ATAKK--E-FYSNIL-KFLESD--  1039
WP_047937432  990  HHAHDAYLNGVIALALLKKYPQL-APEFVYGEYLKFNA  ----HK---aNK  ATVKK--E-FYSNIM-KFFESD--  1049
WP_010720994  980  HHAHDAYLNGFIANVLLKRYPKL-APEFVYGKVVKYSL  ----AR---eNK  ATAKK--E-FYSNIL-KFLESD--  1039
WP_010737004  980  HHAHDAYLNGFIANVLLKRYPKL-APEFVYGKVVKYSL  ----AR---eNK  ATAKK--E-FYSNIL-KFLESD--  1039
WP_034700478  980  HHAHDAYLNGFIANVLLKRYPKL-APEFVYGKVVKYSL  ----AR---eNK  ATAKK--E-FYSNIL-KFLESD--  1039
WP_007209003  978  HHAHDAYLNAVVALSLLRVYPQL-KPEFVYGEYGKNS-  ----IHDq--NK  ATIKK---qFYSNIT-RYFASK--  1037
WP_023519017  974  HHAHDAYLNGVVAMTLLKKYPKL-APEFVYGSYIKGDI  ----NQ---iNK  ATAKK--E-FYSNIM-KFFESE--  1033
WP_010770040  986  HHGHDAYLNGVVANSLLRVYPQL-QPEFVYGDYPKFNA  ----YKA---NK  ATAKK--Q-LYTNIM-KFFAED--  1045
WP_048604708  983  HHAHDAYLNGVVATALLKIYPQL-EPEFVYGEFHRFNA  ----FKE---NK  ATAKK--Q-FYSNLM-EFSKSD--  1042
WP_010750235  983  HHAHDAYLNAVVALALLKKYPRL-APEFVYGSFAKFHL  ----VK---eNK  ATAKK--E-FYSNIL-KFFEKE--  1042
AII16583     1021  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1090
WP_029073316  988  HHAHDAYIATILGTYIGHRFESL-DAKYIYGEYQKIFR  ----NKNk--DK  ---KDg---FILNSM-RNLYADK-  1052
WP_031589969  988  HHAHDAYIATILGTYIGHRFESL-DAKYIYGEYKRIFR  ----QKNk--GK  ---NDg---FILNSM-RNIYADK-  1052
KDA45870      973  HHAHDAYLNAVVANLIMAKYPEL-EPEFVYGKYRKTK-  ----FKGl--GK  ATAKN---tLYANVL-YFLKENEV  1034
WP_039099354  991  HHAFDAYLTAFVGLYLLKRYPKL-KPYFVYGEYQKAS-  ----QQ----DK  ---RN--F----NFL-NGLKKD--  1043
AKP02966     1000  HHAQDAYLASFLGTYRLRRFPTD-EMLLMNGEYNKFYG  -----KElysKK  -SRKN-gF-IISPLV---------  1062
WP_010991369  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGDYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
WP_033838504  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGDYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
EHN60060      988  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGDYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1047
EFR89594      754  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGDYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  813
WP_038409211  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGDYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-RFFAKE--  1044
EFR95520      604  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGDYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-RFFAKE--  663
WP_003723650  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
WP_003727705  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
WP_003730785  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
WP_003733029  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFGW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
WP_003739838  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
```

【数１５２】

```
WP_014601172  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFGQK--  1044
WP_023548323  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
WP_031665337  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
WP_031669209  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
WP_033920898  985  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1044
AKI42028      988  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFGQK--  1047
AKI50529      988  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  1047
EFR83390      433  HHAHDAYLNGVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGEYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAQK--  492
WP_046323366  985  HHAHDAYLNCVVANTLLKVYPQL-EPEFVYGDYHQFDW  ----FKA---NK  ATAKK--Q-FYTNIM-LFFAKK--  1044
AKE81011      998  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1067
CUO82355      981  HHAHDAYIVALIGGFMRDRYPNMhDSKAVYSEYMKMFR  ----NKNd--QK  -----g---FVINSM-NYPY-EV-  1042
WP_033162887  983  HHAHDAYIACIVGQFMHQNFEHL-DAKIIYGQYK----  -----KNy--KK  ---NYg---FILNSM-NHLQSDI-  1042
AGZ01981      1015 HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1084
AKA60242      982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
AKS40380      982  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1051
4UN5_B        986  HHAHDAYLNAVVGTALIKKYPKL-ESEFVYGDYKVYDV  S---EQEi--GK  ATAKY--F-FYSNIM-NFFKTEIT  1055
```

【数１５３】

```
WP_010922251  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_039695303  1059  YAD-GTVFERPIIE  T-NAD-GE-IAWNKQIDFEKVRKVLS-YPQVNIVKKVETQT  GGFSK  ESIL-PKG-  1120
WP_045635197  1056  YAD-GTIVKRENIE  Y-SKDtGE-IAWNKEKDFAIIKKVLS-LPQVNIVKKREVQT  GGFSK  ESIL-PKG-  1118
5AXW_A        772   YKYsHRVDKKPNRE  VNNLN-GL---YDKDND--KLKKLINkSPEKLLMYHHDPQT  --YQK  KLIMeQYGd  852
WP_009880683  736   LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  798
WP_010922251  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_011054416  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_011284745  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_011285506  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_011527619  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_012560673  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_014407541  1051  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1113
WP_020905136  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_023080005  1051  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1113
WP_023610282  1051  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1113
WP_030125963  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_030126706  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_031488318  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_032460140  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_032461047  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_032462016  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_032462936  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_032464890  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_033888930  877   LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  939
WP_038431314  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
WP_038432938  1051  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1113
WP_038434062  1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
BAQ51233      963   LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1025
KGE60162      227   ----------IE    TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  289
KGE60856      1     LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  52
WP_002989955  1052  ----------DIQ   T-NED-GE-IAWNKEKHIKILRKVLS-YPQVNIVKKTEEQT  GGFSK  ESIL-PKG-  1114
WP_003030002  1042  YSN-GKVIVRPVVE  Y-SKD-TEdIAWDKKSNFRTICKVLS-YPQVNIVKKVETQT  GGFSK  ESIL-PKG-  1093
WP_003065552  1059  LAD-GTVVVKDDIE  VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT  GGFSK  ESIL-AHG-  1121
WP_001040076  1050  LAD-GSIVVRPVIE  TGRYM-GK-TAWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT  GGFSK  ESIL-AHG-  1112
WP_001040078  1058  LAD-GTVVVKDDIE  VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT  GGFSK  ESIL-AHG-  1120
WP_001040080  1050  LAD-GTVVVKDDIE  VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT  GGFSK  ESIL-AHG-  1112
WP_001040081  1050  LAD-GTVVVKDDIE  VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT  GGFSK  ESIL-AHG-  1112
WP_001040083  1050  LAD-GTVVVKDDIE  VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT  GGFSK  ESIL-AHG-  1112
WP_001040085  1050  LAD-GTVVVKDDIE  VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT  GGFSK  ESIL-AHG-  1112
```

【数１５４】

```
WP_001040087 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040088 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040089 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040090 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040091 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040092 1050 LAD-ETVVVKDDIE VNNET-GE-IAWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-AHS- 1112
WP_001040094 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040095 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040096 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040097 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040098 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040099 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040100 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040104 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040105 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040106 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040107 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040108 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040109 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_001040110 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_015058523 1050 LAD-ETVVVKDDIE VNNET-GE-IAWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-AHS- 1112
WP_017643650 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_017647151 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_017648376 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_017649527 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_017771611 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_017771984 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
CFQ25032     1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
CFV16040     1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
KLJ37842     1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
KLJ72361     1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
KLL20707     1064 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1126
KLL42645     1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_047207273 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_047209694 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_050198062 1050 LAD-GTVVIKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_050201642 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_050204027 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_050881965 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
```

【数１５５】

```
WP_050886065 1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
AHN30376     1050 LAD-ETVVVKDDIE VNNET-GE-IAWDKKKHFATVRKVLS-YPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-AHS- 1112
EAO78426     1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
CCW42055     1050 LAD-GTVVVKDDIE VNNDT-GE-IVWDKKKHFATVRKVLS-YPQNNIVKKTEIQT GGFSK ESIL-AHG- 1112
WP_003041502 1051 FAD-GTVVERPDIE T-SED-GE-IAWNKQTDFKIVRKVLS-YPQVNIVKKTEVQT HGLDR PSPK-PKP- 1122
WP_037593752 1043 ----------DIQ T-NED-GE-IAWNKEKHIKILRKVLS-YPQVNIVKKTEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1094
WP_049516684 1043 ----------DIQ T-NED-GE-IAWNKEKHIKILRKVLS-YPQVNIVKKTEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1094
GAD46167     1042 ----------DIQ T-NED-GE-IAWNKEKHIKILRKVLS-YPQVNIVKKTEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_018363470 1063 YSN-GKVIVRPVVE Y-SKDtGE-IAWNKRTDFEKVRKVLS-YPQVNIVKKVETQT GGFSK ESIL-PKG- 1125
WP_003043819 1061 LAN-GEIRKRPLIE TNGET-GE-VVWNKEKDFATVRKVLA-MPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-SKR- 1123
WP_006269658 1042 ----------DIQ T-NED-GE-IAWNKEKHIKILRKVLS-YPQVNIVKKTEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_048800889 1052 FAD-GTVVERPDIE T-SED-GE-IAWNKQTDFKIVRKVLS-YPQVNIVKKVEKQT GRFSK ESIL-PKG- 1113
WP_012767106 1051 LAN-GEIRKRPLIE TNEET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT GALTN ESIY-ARG- 1113
WP_014612333 1051 LAN-GEIRKRPLIE TNEET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT GALTN ESIY-ARG- 1113
WP_015017095 1051 LAN-GEIRKRPLIE TNEET-GE-IVWNKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT GALTN ESIY-ARG- 1113
WP_015057649 1051 LAN-GEIRKRPLIE TNEET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT GALTN ESIY-ARG- 1113
WP_048327215 1051 LAN-GEIRKRPLIE TNEET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT GALTN ESIY-ARG- 1113
WP_049519324 1051 LAN-GEIRKRPLIE TNEET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT GALTN ESIY-ARG- 1113
WP_012515931 1044 L----------H VNSD--GE-EIWNANKHLPIIKNVLS-IPQVNIVKKTEVQT GGFYK ESIL-SKG- 1094
WP_021320964 1044 L----------H VNSD--GE-EIWNANKHLPIIKNVLS-IPQVNIVKKTEVQT GGFYK ESIL-SKG- 1094
WP_037581760 1044 L----------H VNSD--GE-EIWNANKHLPIIKNVLS-IPQVNIVKKTEVQT GGFYK ESIL-SKG- 1094
WP_004232481 1062 YAD-GRVFERPDIE T-NAD-GE-VVWNKQRDFNIVRKVLS-YPQVNIVKKVEVQT GGFSK ESIL-PKG- 1123
WP_009854540 1057 YAD-GTVFERPIIE T-NAD-GE-IAWNKQIDFEKVRKVLS-YPQVNIVKKVETQT GGFSK ESIL-PKG- 1118
WP_012962174 1057 YSN-GKVVVRPVIE C-SKDtGE-IAWNKQTDFEKVRRVLS-YPQVNIVKKVETQT GGFSK ESIL-PKG- 1119
WP_039695303 1059 YAD-GTVFERPIIE T-NAD-GE-IAWNKQIDFEKVRKVLS-YPQVNIVKKVETQT GGFSK ESIL-PKG- 1120
WP_014334983 1062 YAD-GRVFERPDIE T-NAD-GE-VVWNKQKDFDIVRKVLS-YPQVNIVKKVEAQT GGFSK ESIL-SKG- 1123
WP_003099269 1052 LAD-DTIFTRPQIE VNTET-GE-IVWDKVKDMQTIRKVMS-YPQVNIVMKTEVQT GGFSK ESIW-PKG- 1114
AHY15608     1052 LAD-DTIFTRPQIE VNTET-GE-IVWDKVKDMQTIRKVMS-YPQVNIVMKTEVQT GGFSK ESIW-PKG- 1114
AHY17476     1052 LAD-DTIFTRPQIE VNTET-GE-IVWDKVKDMQTIRKVMS-YPQVNIVMKTEVQT GGFSK ESIW-PKG- 1114
ESR09100     ---- ---------- ---------- -------------------------- ----- --------- ----
AGM98575     1052 LAD-DTIFTRPQIE VNTET-GE-IVWDKVKDMQTIRKVMS-YPQVNIVMKTEVQT GGFSK ESIW-PKG- 1114
ALF27331     1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_018372492 1056 --K---------K --DQEtGE-IVWDKKEIENIVKKVIY-SSPVNIVKKREEQS GALFK QSNM-AVGy 1108
WP_045618028 1057 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEKDFATIKKVLS-LPQVNIVKKTEEQT GGLFD NNIV-SKKk 1124
WP_045635197 1056 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEKDFAIIKKVLS-LPQVNIVKKREVQT GGFSK ESIL-PKG- 1118
WP_002263549 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002263887 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002264920 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEYISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002269043 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
```

【数１５６】

```
WP_002269448 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002271977 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002272766 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002273241 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002275430 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002276448 1042 ----------DVR T-DRN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002277050 1047 LAD-DQIVERPMIE VNDET-GE-IAWDKTKHITTVKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGLFD -----PKS- 1111
WP_002277364 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002279025 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002279859 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEYISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002280230 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002281696 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002282247 1047 LAD-DQIVERPMIE VNDET-GE-IAWDKTKHITTVKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGLFD -----PKS- 1111
WP_002282906 1042 ----------DVR I-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002283846 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002287255 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002288990 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002289641 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002290427 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEYISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFFK ESIL-PKG- 1093
WP_002295753 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEYISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002296423 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002304487 1056 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1107
WP_002305844 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002307203 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEYISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_002310390 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEYISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFFK ESIL-PKG- 1093
WP_002352408 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEYISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_012997688 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_014677909 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_019312892 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_019313659 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_019314093 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEYISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_019315370 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_019803776 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_019805234 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEYISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFFK ESIL-PKG- 1093
WP_024783594 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_024784288 1047 LAD-DQIVERPMIE VNDET-GE-IAWDKTKHITTVKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGLFD -----PKS- 1111
WP_024784666 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_024784894 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_024786433 1047 LAD-DQIVERPMIE VNDET-GE-IAWDKTKHITTVKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGLFD -----PKS- 1111
```

【数１５７】

```
WP_049473442 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_049474547 1042 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1093
EMC03581     1035 ----------DVR T-DKN-GE-IIWKKDEHISNIKKVLS-YPQVNIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1086
WP_000428612 1059 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEKDFATIKKVLS-LPQVNIVKKREVQT GGFSK ESIL-PKG- 1121
WP_000428613 1057 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEKDFATIKKVLS-YPQVNIVKKREVQT GGFSK ESIL-PKG- 1119
WP_049523028 1052 YAD-GTIIQRGNVE Y-SKDtGE-IAWNKKRDFAIVRKVLS-YPQVNIVKKTEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1114
WP_003107102 1021 LAD-GTVITRPQIE TNTET-GE-IVWDKVKDIKTIRKVLS-IPQINVVKKTEVQT GGFSK ESIL-SKR- 1083
WP_054279288 1053 LAN-GNIIKRSPIE VNEET-GE-IVWDKTKDFGTVRKVLS-APQVNIVKKTEIQT GGFSN ETIL-SKG- 1115
WP_049531101 1057 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEIDFATIRKILS-LSQVNIVKKTEEQT GGLFD NNIV-SKKk 1124
WP_049538452 1057 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEKDFATIKKILS-LPQVNIVKKTEEQT GGLFD NNIV-SKKk 1124
WP_049549711 1059 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEKDFATIKKVLS-YPQVNIVKKTEEQT GGLFD NNIV-SKEk 1126
WP_007896501 1058 LAD-GTLMKRPVIE TNTET-GE-VVWDKVKDFKTIRKVLS-YPQVNIVKKTEIQS GAFSK ESVL-SKG- 1120
EFR44625     1010 LAD-GTLMKRPVIE TNTET-GE-VVWDKVKDFKTIRKVLS-YPQVNIVKKTEIQS GAFSK ESVL-SKG- 1072
WP_002897477 1056 YAD-GTIRKRENIE Y-SKDtGE-IAWDKEKDFATIKKVLS-YPQVNIVKKREVQT GGFSK ESIL-PKG- 1118
WP_002906454 1056 YAD-GTIKKRENIE Y-SNDtGE-IAWNKEKDFATIKKVLS-LPQVNIVKKTEEQT GGLFD NNIV-SKKk 1123
WP_009729476 1057 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEKDFATIKKVLS-LPQVNIVKKREVQT GGFSK ESIL-PKG- 1119
CQR24647     1047 LAD-GRVVEKPVIE ANEET-GE-IAWDKTKHFANVKKVLS-YPQVSIVKKVEEQT GGFSK ESIL-PKG- 1109
WP_000066813 1061 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEKDFATVKKVLS-LPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-PKG- 1123
WP_009754323 1057 YAD-GTIVKRENIE Y-SKDtGE-IAWNKEKDFVTIKKVLS-YPQVNIVKKREVQT GGFSK ESIL-PKG- 1119
WP_044674937 1049 YSKtGEVRIRPVIE VNKET-GE-IVWDKKSDFRTVRKVLS-YPQVNVVKKVEMQT GGFSK ESIL-QHG- 1112
WP_044676715 1051 YSKtGEVRIRPVIE VNKET-GE-IVWDKKSDFRTVRKVLS-YPQVNVVKKVEMQT GGFSK ESIL-QHG- 1114
WP_044680361 1051 YSKtGEVRIRPVIE VNKET-GE-IVWDKKSDFRTVRKVLS-YPQVNVVKKVEMQT GGFSK ESIL-QHG- 1114
WP_044681799 1049 YSKtGEVRIRPVIE VNKET-GE-IVWDKKSDFKTVRKVLS-YPQVNVVKKVEMQT GGFSK ESIL-QHG- 1112
WP_049533112 1051 FAD-GTVVERPDIE T-SED-GE-IAWNKQTDFKIVRKVLS-YPQVNIVKKTEVQT HGLDR PSPK-PKP- 1122
WP_029090905 1008 -KQ----------Q --NSTtGE-VKWNPEVDIAKLKRILN-FKQCNIVRKVEEQS GALFK ETIY-PVEe 1061
WP_006506696 1039 --D---------- ------GK-LIWNP-DLINEIKKCFY-YKDCYCTTKLDQKS GQLFN -TVL-SNDa 1084
AIT42264     1052 LAN-GEIRKRPLIE TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-PKR- 1114
WP_034440723 1042 ----------LA --NPD-GE-IAWEKDKDLNTIRKVLS-SKQTNIIKKAEEGK GRLFK ETIN-SRPs 1092
AKQ21048     1052 LAN-GEIRKRPLIE TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-PKR- 1114
WP_004636532 1043 ---------------- VNEET-GE-ILWDTERHLSTIKRVLS-WKQMNIVKKVEKQK GQLWK ETIY-PKG- 1092
WP_002364836 1048 --E----------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_016631044 999  --E----------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1049
EMS75795     783  --E----------Y SYDEN-GE-IFWDKARHIPQIKKVIS-SHQVNIVKKVEVQT GGFYK ETVN-PKG- 834
WP_002373311 1048 --E----------P RFTKD-SE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_002378009 1048 --E----------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_002407324 1048 --E----------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_002413717 1048 --E----------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_010775580 1050 --E----------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1100
WP_010818269 1048 --E----------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
```

【数１５８】

```
WP_010824395 1048 --E---------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_016622645 1048 --E---------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_033624816 1048 --E---------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_033625576 1048 --E---------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_033789179 1048 --E---------P RFTKD-GE-ILWSN-SYLKTIKKELN-YHQMNIVKKVEVQK GGFSK ESIK-PKG- 1098
WP_002310644 1049 --T---------P VCDEN-GE-IFWDKSKSIAQVKKVIN-HHHMNIVKKTEIQK GGFSK ETVE-PKK- 1100
WP_002312694 1050 --T---------P VCDEN-GE-IFWDKSKSIAQVKKVIN-HHHMNIVKKTEIQK GGFSK ETVE-PKK- 1101
WP_002314015 1050 --T---------P VCDEN-GE-IFWDKSKSIAQVKKVIN-HHHMNIVKKTEIQK GGFSK ETVE-PKK- 1101
WP_002320716 1050 --T---------P VCDEN-GE-IFWDKSKSIAQVKKVIN-HHHMNIVKKTEIQK GGFSK ETVE-PKK- 1101
WP_002330729 1049 --T---------P VCDEN-GE-IFWDKSKSIAQVKKVIN-HHHMNIVKKTEIQK GGFSE ETVE-PKK- 1100
WP_002335161 1050 --T---------P VCDEN-GE-IFWDKSKSIAQVKKVIN-HHHMNIVKKTEIQK GGFSK ETVE-PKK- 1101
WP_002345439 1050 --T---------P VCDEN-GE-IFWDKSKSIAQVKKVIN-HHHMNIVKKTEIQK GGFSK ETVE-PKK- 1101
WP_034867970 1040 --E---------P FCDEN-GE-IYWEKSHHLPRIKKVLS-SHQVNVVKKVEQQK GGFYK ETVN-SKE- 1091
WP_047937432 1050 --T---------P VCDEN-GE-IFWDKSKSIAQVKKVIN-HHHMNIVKKTEIQK GGFSK ETVE-PKK- 1101
WP_010720994 1040 --E---------P FCDEN-GE-IYWEKSHHLPRIKKVLS-SHQVNVVKKVEQQK GGFYK ETVN-SKE- 1091
WP_010737004 1040 --E---------P FCDEN-GE-IYWEKSHHLPRIKKVLS-SHQVNVVKKVEQQK GGFYK ETVN-SKE- 1091
WP_034700478 1040 --E---------P FCDEN-GE-IYWEKSHHLPRIKKVLS-SHQVNVVKKVEQQK GGFYK ETVN-SKE- 1091
WP_007209003 1038 --D---------- IINDD-GE-ILWNKQETIAQVIKTLG-MHQVNVVKKVEIQK GGFSK ESIQ-PKG- 1089
WP_023519017 1034 --E---------I ICDEQ-GE-VIWNKKRDLSTIKKTIG-AHQVNIVKKVEKQK GGFYK ETIN-SKA- 1085
WP_010770040 1046 --A---------V IIDEN-GE-ILWDK-KNIATVKKVMS-YPQMNIVKKPEIQT GSFSK ETIK-PKG- 1096
WP_048604708 1043 --K---------V IIDEN-GE-ILWNQ-KKIVTVKKVMN-YRQMNIVKKVEIQK GGFSK ESIL-PKG- 1093
WP_010750235 1043 --E---------Q FCDEN-GE-IFWDKRKHIQQIKKVIS-SHQVNIVKKVEVQT GSFYK ETVN-TKE- 1094
AII16583     1091 LAN-GEIRKRPLIE --D---------- ----T-GE-VVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT GGFSK ESIL-PKR- 1153
WP_029073316 1053 --D---------- ----T-GE-VVWDP-EWISRIKKCFY-YKDCFVTKKLEENN GSFFN -TVR-PNDe 1099
WP_031589969 1053 --D---------- ----T-GE-IVWDP-NYIDRIKKCFY-YKDCFVTKKLEENN GTFFN -TVL-PNDt 1099
KDA45870     1035 YPF---------- ----------WDKARDLPTIKRYLY-RAQVNKVRKAERQT GGFSD EMLV-PKS- 1078
WP_039099354 1044 ---------E LVDEN-TEaVIWNKESGLAYLNKIYQ-FKKILVTREVHENS GALFN QTLYaAKDd 1097
AKP02966     1063 --N-------GTTQ --DRNtGE-IIWNVG-FRDKILKIFN-YHQCNVTRKTEIKT GQFYD QTIYsPKNp 1118
WP_010991369 1045 --D---------R IIDEN-GE-ILWDK-KYLDTVKKVMS-YRQMNIVKKTEIQK GEFSK ATIK-PKG- 1095
WP_033838504 1045 --D---------R IIDEN-GE-ILWDK-KYLDTVKKVMS-YRQMNIVKKTEIQK GEFSK ATIK-PKG- 1095
EHN60060     1048 --D---------R IIDEN-GE-ILWDK-KYLDTVKKVMS-YRQMNIVKKTEIQK GEFSK ATIK-PKG- 1098
EFR89594     814  --D---------R IIDEN-GE-ILWDK-KYLDTVKKVMS-YRQMNIVKKTEIQK GEFSK ATIK-PKG- 864
WP_038409211 1045 --N---------Q IIDKN-GE-ILWDN-RYLDTIKKVLS-YRQMNIVKKTEIQK GEFSN ATVN-PKG- 1095
EFR95520     664  --N---------Q IIDKN-GE-ILWDN-RYLDTIKKVLS-YRQMNIVKKTEIQK GEFSN ATVN-PKG- 714
WP_003723650 1045 --E---------R IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLD-YRQMNIVKKTEIQK GEFSK ATIK-PKG- 1095
WP_003727705 1045 --E---------R IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLD-YRQINIVKKTEIQK GEFSK ATIK-PKG- 1095
WP_003730785 1045 --E---------R IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLD-YRQINIVKKTEIQK GEFSK ATIK-PKG- 1095
WP_003733029 1045 --D---------R IIDEN-GE-ILWDK-RYLETVKKVLG-YRQMNIVKKTEIQK GEFSN VTPN-PKG- 1095
WP_003739838 1045 --E---------R IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLD-YRQMNIVKKTEIQK GEFSK ATIK-PKG- 1095
```

【数１５９】

```
WP_014601172  1045  --E----------R  IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLD-YRQMNIVKKTEIQK  GEFSK  ATIK-PKG-  1095
WP_023548323  1045  --E----------R  IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLN-YRQMNIVKKTEIQK  GEFSN  QNPK-PRG-  1095
WP_031665337  1045  --E----------R  IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLD-YRQMNIVKKTEIQK  GEFSK  ATIK-PKG-  1095
WP_031669209  1045  --D----------R  IIDEN-GE-ILWDK-RYLETVKKVLG-YRQMNIVKKTEIQK  GEFSN  VTPN-PKG-  1095
WP_033920898  1045  --E----------R  IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLN-YRQMNIVKKTEIQK  GEFSN  QNPK-PRG-  1095
AKI42028      1048  --E----------R  IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLD-YRQMNIVKKTEIQK  GEFSK  ATIK-PKG-  1098
AKI50529      1048  --E----------R  IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLN-YRQMNIVKKTEIQK  GEFSN  QNPK-PRG-  1098
EFR83390      493   --E----------R  IIDEN-GE-ILWDK-KYLETIKKVLD-YRQMNIVKKTEIQK  GEFSK  ATIK-PKG-  543
WP_046323366  1045  --D----------R  IIDEN-GE-ILWDK-KYLDTIKKVLN-YRQMNIVKKTEIQK  GEFSN  ATAN-PKG-  1095
AKE81011      1068  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1130
CUO82355      1043  --D----------  ------GK-LIWNP-DLINEIKKCFY-YKDCYCTTKLDQKS  GQMFN  -TVL-PNDa  1088
WP_033162887  1043  --D----------  ----T-GE-VMWDP-AKIGKIKSCFY-YKDVYVTKKLEQNS  GTLFN  -TVL-PNDa  1089
AGZ01981      1085  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1147
AKA60242      1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
AKS40380      1052  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1114
4UN5_B        1056  LAN-GEIRKRPLIE  TNGET-GE-IVWDKGRDFATVRKVLS-MPQVNIVKKTEVQT  GGFSK  ESIL-PKR-  1118
```

【数１６０】

```
WP_010922251  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_039695303  1121  --DSD  KLIPRKTkKV-YW-DTKKYGGFDSPTVAYSV-FVVAD--VE--KGKAKKLKTVKELVGISIME  RSFFEE  1185
WP_045635197  1119  --NSD  KLIPRKT-KDILL-DTTKYGGFDSPVIAYSI-LLIAD--IE--KGKAKKLKTVKTLVGITIME  KAAFEE  1183
5AXW_A         853  --EKN  -LYKYYEeTGNYL---TKYSKKDNGPVIKKI----------KYYGNKLNAHLDITDDYPNS  -VKLSL  912
WP_009880683   799  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELVGITIME  RSSFEK  860
WP_010922251  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_011054416  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_011284745  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_011285506  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_011527619  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_012560673  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELVGITIME  RSSFEK  1176
WP_014407541  1114  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1175
WP_020905136  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGLTIME  RSSFEK  1176
WP_023080005  1114  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1175
WP_023610282  1114  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1175
WP_030125963  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_030126706  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_031488318  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_032460140  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELVGITIME  RSSFEK  1176
WP_032461047  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELVGITIME  RSSFEK  1176
WP_032462016  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_032462936  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_032464890  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_033888930   940  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1001
WP_038431314  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_038432938  1114  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1175
WP_038434062  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
BAQ51233      1026  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1087
KGE60162       290  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  351
KGE60856        53  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  114
WP_002989955  1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1176
WP_003030002  1094  --ESD  KLIPRKT-KNSYW-NPKKYGGFDSPVVAYSI-LVFAD--VE--KGKSKKLRKVQDMVGITIME  KKRFEK  1158
WP_003065552  1122  --DSD  KLIPRKTkKA-YW-DTKKYGGFDSPTVAYSV-FVVAD--VE--KGKAKKLKTVKELVGISIME  RSFFEE  1186
WP_001040076  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040078  1121  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSKFEK  1185
WP_001040080  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040081  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040083  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040085  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
```

【数１６１】

```
WP_001040087  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040088  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040089  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040090  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040091  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040092  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVLAD--IK--KGKAQKLKTVKELIGITIME  RERFEK  1177
WP_001040094  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040095  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040096  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040097  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040098  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPKVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040099  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040100  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040104  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040105  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_001040106  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RFRFEK  1177
WP_001040107  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RFRFEK  1177
WP_001040108  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RFRFEK  1177
WP_001040109  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RFRFEK  1177
WP_001040110  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RFRFEK  1177
WP_015058523  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVLAD--IK--KGKAQKLKTVKELIGITIME  RERFEK  1177
WP_017643650  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_017647151  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_017648376  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_017649527  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_017771611  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RFRFEK  1177
WP_017771984  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVAAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
CFQ25032      1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
CFV16040      1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
KLJ37842      1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
KLJ72361      1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
KLL20707      1127  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1191
KLL42645      1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RFRFEK  1177
WP_047207273  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_047209694  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_050198062  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_050201642  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
WP_050204027  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RFRFEK  1177
WP_050881965  1113  --NSD  KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME  RSRFEK  1177
```

【数１６２】

```
WP_050886065 1113 --NSD KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME RSRFEK 1177
AHN30376     1113 --NSD KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVLAD--IK--KGKAQKLKTVKELIGITIME RERFEK 1177
EAO78426     1113 --NSD KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME RSRFEK 1177
CCW42055     1113 --NSD KLIPRKT-KDIYL-DPKKYGGFDSPIVAYSV-LVVAD--IK--KGKAQKLKTVTELLGITIME RSRFEK 1177
WP_003041502 1123 --DSS ENLVGVK-RNL---DPKKYGGYAGISNSYAV-LVKAI--IE--KGVKKKETMVLEFQGISILD RITFEK 1185
WP_037593752 1095 --ESD KLIPRKT-KNSYW-NPKKYGGFDSPVVAYSI-LVFAD--VE--KGKSKKLRKVQDMVGITIME KKRFEK 1159
WP_049516684 1095 --ESD KLIPRKT-KNSYW-NPKKYGGFDSPVVAYSI-LVFAD--VE--KGKSKKLRKVQDMVGITIME KKRFEK 1159
GAD46167     1094 --ESD KLIPRKT-KNSYW-NPKKYGGFDSPVVAYSI-LVFAD--VE--KGKSKKLRKVQDMVGITIME KKRFEK 1158
WP_018363470 1126 --DSD KLIPRKTkKV-LW-EPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAD--VE--KGKTKKLKTVKELVGISIME RSFFEK 1190
WP_003043819 1124 --ESA KLIP----RKKGW-DTRKYGGFGSPTVAYSI-LVVAK--VE--KGKAKKLKSVKVLVGITIME KGSYEK 1185
WP_006269658 1094 --ESD KLIPRKT-KNSYW-DPKKYGGFDSPVVAYSI-LVFAD--VE--KGKSKKLRKVQDMVGITIME KKRFEK 1158
WP_048800889 1114 --DSD KLIARKTkEN-YW-DTKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAD--IK--KGKAKKLKTVKELVGISIME RPFFEK 1178
WP_012767106 1114 --SFD KLIS----RKHRF-ESSKYGGFGSPTVTYSV-LVVAKskVQ--DGKVKKIKTGKELIGMTLLD KLVFEK 1177
WP_014612333 1114 --SFD KLIS----RKHRF-ESSKYGGFGSPTVTYSV-LVVAKskVQ--DGKVKKIKTGKELIGITLLD KLVFEK 1177
WP_015017095 1114 --SFD KLIS----RKHRF-ESSKYGGFGSPTVTYSV-LVVAKskVQ--DGKVKKIKTGKELIGITLLD KLVFEK 1177
WP_015057649 1114 --SFD KLIS----RKHRF-ESSKYGGFGSPTVTYSV-LVVAKskVQ--DGKVKKIKTGKELIGITLLD KLVFEK 1177
WP_048327215 1114 --SFD KLIS----RKHRF-ESSKYGGFGSPTVTYSV-LVVAKckVQ--DGKVKKIKTGKELIGITLLD KLVFEK 1177
WP_049519324 1114 --SFD KLIS----RKHRF-ESSKYGGFGSPTVTYSV-LVVAKskVQ--DGKVKKIKTGKELIGITLLD KLVFEK 1177
WP_012515931 1095 --NSD KLIP----RKNNW-DTRKYGGFDSPTVAYSV-LVIAK--ME--KGKAKVLKPVKEMVGITIME RTAFEE 1156
WP_021320964 1095 --NSD KLIP----RKNNW-DTRKYGGFDSPTVAYSV-LVIAK--ME--KGKAKVLKPVKEMVGITIME RIAFEE 1156
WP_037581760 1095 --NSD KLIP----RKNNW-DTRKYGGFDSPTVAYSV-LVIAK--ME--KGKAKVLKPVKEMVGITIME RIAFEE 1156
WP_004232481 1124 --DSD KLIPRKTkKL-QW-ETQKYGGFDSPTVAYSV-LVVAD--VE--KGKTRKLKTVKELVGISIME RSSFEE 1188
WP_009854540 1119 --DSD KLIPRKTkKV-YW-DTKKYGGFDSPTVAYSV-FVVAD--VE--KGKAKKLKTVKELVGISIME RSFFEE 1183
WP_012962174 1120 --NSD KLIPRKTkKF-RW-DTPKYGGFDSPNIAYSV-FVIAD--VE--KGKAKKLKTVKELVGISIME RSSFEE 1184
WP_039695303 1121 --DSD KLIPRKTkKV-YW-DTKKYGGFDSPTVAYSV-FVVAD--VE--KGKAKKLKTVKELVGISIME RSFFEE 1185
WP_014334983 1124 --DSD KLIPRKTkKV-YW-NTKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAD--IE--KGKAKKLKTVKELVGISIME RSFFEE 1188
WP_003099269 1115 --DSD KLIA----RKKSW-DPKKYGGFDSPIIAYSV-LVVAK--IA--KGKTQKLKTIKELVGIKIME QDEFEK 1176
AHY15608     1115 --DSD KLIA----RKKSW-DPKKYGGFDSPIIAYSV-LVVAK--IA--KGKTQKLKTIKELVGIKIME QDEFEK 1176
AHY17476     1115 --DSD KLIA----RKKSW-DPKKYGGFDSPIIAYSV-LVVAK--IA--KGKTQKLKTIKELVGIKIME QDEFEK 1176
ESR09100     1    ----- ----------RKKSW-DPKKYGGFDSPIIAYSV-LVVAK--IA--KGKTQKLKTIKELVGIKIME QDEFEK 8
AGM98575     1115 --DSD KLIA----RKKSW-DPKKYGGFDSPIIAYSV-LVVAK--IA--KGKTQKLKTIKELVGIKIME QDEFEK 1176
ALF27331     1094 --NSD KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAN--IE--KGKSKKLKLVKDLVGITIME RTIFEK 1158
WP_018372492 1109 ---NN KLIP----RKKDW-SVDKYGGFIEPAESYSLaIFYTD--IN-----GKKPKKKSTIIAISRME KKDYEK 1167
WP_045618028 1125 vvDAS KLTPIKS-G---L-SPEKYGGYARPTIAYSV-LVIAD--IE--KGKAKKLKRIKEMVGITVQD KKKFEA 1188
WP_045635197 1119 --NSD KLIPRKT-KDILL-DTTKYGGFDSPVIAYSI-LLIAD--IE--KGKAKKLKTVKTLVGITIME KAAFEE 1183
WP_002263549 1094 --NSD KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME KMTFER 1158
WP_002263887 1094 --NSD KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME KMTFER 1158
WP_002264920 1094 --DSD KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME KMTFER 1158
WP_002269043 1094 --NSD KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME KMTFER 1158
```

【数１６３】

```
WP_002269448 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002271977 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002272766 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002273241 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002275430 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002276448 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002277050 1112  --PLE  KLVPLKK----AL-NPEKYGGYQKPTTAYPI-LLIVD----------TKQLIPISVMD  KKRFEQ  1166
WP_002277364 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002279025 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002279859 1094  --DSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002280230 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002281696 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002282247 1112  --PLE  KLVPLKK----AL-NPEKYGGYQKPTTAYPI-LLIVD----------TKQLIPISVMD  KKRFEQ  1166
WP_002282906 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002283846 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002287255 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002288990 1094  --NSY  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002289641 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002290427 1094  --DSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002295753 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002296423 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002304487 1108  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1172
WP_002305844 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002307203 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002310390 1094  --DSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_002352408 1094  --DSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_012997688 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_014677909 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_019312892 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_019313659 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_019314093 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_019315370 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_019803776 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_019805234 1094  --DSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_024783594 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KSKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_024784288 1112  --PLE  KLVPLKK----AL-NPEKYGGYQKPTTAYPI-LLIVD----------TKQLIPISVMD  KKRFEQ  1166
WP_024784666 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_024784894 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER  1158
WP_024786433 1112  --PLE  KLVPLKK----AL-NPEKYGGYQKPTTAYPI-LLIVD----------TKQLIPISVMD  KKRFEQ  1166
```

【数１６４】

```
WP_049473442 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER 1158
WP_049474547 1094  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER 1158
EMC03581     1087  --NSD  KLIPRKT-KKFYW-DTKKYGGFDSPIVAYSI-LVIAD--IE--KGKSKKLKTVKALVGVTIME  KMTFER 1151
WP_000428612 1122  --NSD  KLIPRKT-KDILW-DTTKYGGFDSPVIAYSI-LLIAD--IE--KGKAKRLKTVKTLVGITIME  KATFEK 1186
WP_000428613 1120  --NSD  KLIPRKT-KDILW-ETTKYGGFDSPVIAYSI-LLIAD--IE--KGKAKKLKTVKTLVGITIME  KAAFEE 1184
WP_049523028 1115  --NSD  KLIPRKT-KNVQL-DTTKYGGFDSPVIAYSI-LLVAD--VE--KGKSKKLKTVKSLIGITIME  KVKFEA 1179
WP_003107102 1084  --DSD  KLIP----RKNNW-DPKKYGGFGSPIIAYSV-LVVAK--VT--KGKSQKTKSVKELVGITIME  QNEFEK 1145
WP_054279288 1116  --KSS  KLIP----RKNKWrDTTKYGGFNTPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKAKKLKPVKELVGITIME  RTKFEA 1178
WP_049531101 1125  vvDAS  KLIPIKS-G---L-SPEKYGGYARPTIAYSV-LVIAD--IE--KGKAKKLKRIKEMVGITIQD  KKKFEA 1188
WP_049538452 1125  vvDAS  KLIPIKS-G---L-SPEKYGGYARPTIAYSV-LVIAD--IE--KGKTKKLKRIKEMIGITVQD  KKIFES 1188
WP_049549711 1127  vvDAS  KLIPIKS-G---L-SPEKYGGYARPTIAYSV-LVIAD--IE--KGKTKKLKRIKEMVGITIQD  KKKFEA 1190
WP_007896501 1121  --NSD  KLIE----RKKGW-DPKKYGGFDSPNTAYSI-FVVAK--VA--KRKAQKLKTVKEIVGITIME  QAEYEK 1182
EFR44625     1073  --NSD  KLIE----RKKGW-DPKKYGGFDSPNTAYSI-FVVAK--VA--KRKAQKLKTVKEIVGITIME  QAEYEK 1134
WP_002897477 1119  --NSD  KLIPRKT-KDILW-DTTKYGGFDSPVIAYSI-LLIAD--IE--KGKAKKLKTVKTLVGITIME  KAAFEE 1183
WP_002906454 1124  vvDAS  KLIPIKS-S---L-SPEKYGGYARPTIAYSV-LVIAD--IEkgKGKAKKLKRIKEIVGITIQD  KKKFES 1189
WP_009729476 1120  --NSD  KLIPRKT-KDILW-DTTKYGGFDSPVIAYSI-LLIAD--IE--KGKAKKLKTVKTLVGITIME  KDAFEK 1184
CQR24647     1110  --GSD  KLIARKT-KNNYL-STQKYGGFDSPTVAYSI-MFVAD--IE--KGKSKRLKTVKEMIGITIME  RSRFES 1174
WP_000066813 1124  --NSD  KLIPRKT-KEILW-DTTKYGGFDSPVIAYSI-LLIAD--IE--KGKAKKLKTVKTLVGITIME  KATFEK 1188
WP_009754323 1120  --NSD  KLIPRKT-KDILW-DTTKYGGFDSPVIAYSI-LLIAD--IE--KGKAKKLKTVKTLVGITIME  KAAFEK 1184
WP_044674937 1113  --DSD  KLIPRKT-EKFYL-DTKKYGGFDSPTIAYSV-LLIAD--IE--KGKAKKLKRVKELIGITIME  RMAFEK 1177
WP_044676715 1115  --DSD  KLIPRKT-EKFYL-DTKKYGGFDSPTIAYSV-LLIAD--IE--KGKAKKLKRVKELIGITIME  RMAFEK 1179
WP_044680361 1115  --DSD  KLIPRKT-EKFYL-DTKKYGGFDSPTIAYSV-LLIAD--IE--KGKAKKLKRVKELIGITIME  RMAFEK 1179
WP_044681799 1113  --DSD  KLIPRKT-EKFYL-DTKKYGGFDSPTIAYSV-LLIAD--IE--KGKAKKLKRVKELIGITIME  RMAFEK 1177
WP_049533112 1123  --DSS  ENLVGVK-RNL----DPKKYGGYAGISNSYAV-LVKAI--IE--KGVKKKETMVLEFQGISILD  RITFEK 1185
WP_029090905 1062  --SSS  KTIP----LKKHL-DTAIYGGYTAVNYASYA---LIQ--FK----KGRKLK--REIIGIPLAV  QTRIDN 1117
WP_006506696 1085  haDKG  AVVP---vNKNRS-DVHKYGGFSG--LQYTI----VA--IEgqKKKGKKTELVKKISGVPLHL  KAASIN 1149
AIT42264     1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK 1176
WP_034440723 1093  k-KTE  KRIP----IKNNL-DPNIYGGYIEEKMAYYI----AInyLE--NGKTKK-----AIVGISIKD  KKDFEG 1149
AKQ21048     1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK 1176
WP_004636532 1093  --DSS  KLIP----VKEGM-DPQKYGGLSQVSEAFAV-VIT----HE--KGKKKQLK--SDLISIPIVD  QKAYEQ 1150
WP_002364836 1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPIVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ 1156
WP_016631044 1050  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPVVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ 1107
EMS75795     835   --KPD  KLIQ----RKAGW-DVSKYGGFGSPVVAYAV-AFI----YE--KGKAR--KKAKAIEGITIMK  QSLFEQ 892
WP_002373311 1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPVVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ 1156
WP_002378009 1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPIVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ 1156
WP_002407324 1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPIVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ 1156
WP_002413717 1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPVVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ 1156
WP_010775580 1101  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPVVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ 1158
WP_010818269 1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPIVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ 1156
```

【数１６５】

```
WP_010824395  1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPVVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ  1156
WP_016622645  1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPIVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ  1156
WP_033624816  1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPVVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ  1156
WP_033625576  1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPVVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTKFEQ  1156
WP_033789179  1099  --PSN  KLIP----VKNGL-DPQKYGGFDSPVVAYTV-LF--T--HE--KGK-KPL-IKQEILGITIME  KTRFEQ  1156
WP_002310644  1101  --DSS  KLLP----RKNNW-DPAKYGGLGSPNVAYTV-AFT----YE--KGKAR--KRTNALEGITIME  REAFEQ  1158
WP_002312694  1102  --DSS  KLLP----RKNNW-DPAKYGGLGSPNVAYTV-AFT----YE--KGKAR--KRTNALEGITIME  REAFEQ  1159
WP_002314015  1102  --DSS  KLLP----RKNNW-DPAKYGGLGSPNVAYTV-AFT----YE--KGKAR--KRTNALEGITIME  REAFEQ  1159
WP_002320716  1102  --DSS  KLLP----RKNNW-DPAKYGGLGSPNVAYTV-AFT----YE--KGKAR--KRTNALEGITIME  REAFEQ  1159
WP_002330729  1101  --DSS  KLLP----RKNNW-DPAKYGGLGSPNVAYTV-AFT----YE--KGKAR--KRTNALEGITIME  REAFEQ  1158
WP_002335161  1102  --DSS  KLLP----RKNNW-DPAKYGGLGSPNVAYTV-AFT----YE--KGKAR--KRTNALEGITIME  REAFEQ  1159
WP_002345439  1102  --DSS  KLLP----RKNNW-DPTKYGGLGSPNVAYTV-AFT----YE--KGKAR--KRTNALEGITIME  REAFEQ  1159
WP_034867970  1092  --KPD  KLIE----RKNNW-DVTKYGGFGSPVIAYAI-AFV----YA--KGKTQ--KKTRAIEGITIME  QAAFEK  1149
WP_047937432  1102  --DSS  KLLP----RKNNW-DPAKYGGLGSPNVAYTV-AFT----YE--KGKAR--KRTNALEGITIME  REAFEQ  1159
WP_010720994  1092  --KPD  KLIE----RKNNW-DVTKYGGFGSPVIAYAI-AFV----YA--KGKTQ--KKTRAIEGITIME  QAAFEK  1149
WP_010737004  1092  --KPD  KLIE----RKNNW-DVTKYGGFGSPVIAYAI-AFV----YA--KGKTQ--KKTRAIEGITIME  QAAFEK  1149
WP_034700478  1092  --KPD  KLIE----RKNNW-DVTKYGGFGSPVIAYAI-AFV----YA--KGKTQ--KKTRAIEGITIME  QAAFEK  1149
WP_007209003  1090  --ESQ  KLIR----RKQQW-NTKKYGGFDSPVVAYAI---LLS--FD--KGK-RKARSFK-IVGITIQD  RESFEG  1147
WP_023519017  1086  --NPE  KLIP----RKASL-DPLKYGGYGSPLVAYTV-IFI----FE--KGKQK--KVTKGIEGITVME  QLRFEQ  1143
WP_010770040  1097  --DSD  KLIS----RKTNW-SPKLYGGFDSPQVAYSV-II--T--YE--KGK-KKVRA-KAIVGITIME  QSLFKK  1154
WP_048604708  1094  --DSD  KLIS----RKKEW-DTTKYGGFDSPNVAYSV-VI--R--YE--KGK-TRKLV-KTIVGITIME  RAAFEK  1151
WP_010750235  1095  --KPD  KLIK----RKNNW-DVTKYGGFGSPVVAYAV-VFT----YE--KGKNH--KKAKAIEGITIME  QALFEK  1152
AII16583      1154  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITIME  RSSFEK  1215
WP_029073316  1100  hsEKG  AKVP---vNKLRS-NVHKYGGFEG--LKYSI----VA--IKgkKKKGKKKIIDVNKLVGIPLMY  KNVDDE  1164
WP_031589969  1100  nsDKD  ATVP---vNKYRS-NVNKYGGFSG--VNSFI----VA--IKgkKKKGKKKVIEVNKLTGIPLMY  KNADEE  1164
KDA45870      1079  --DSG  KLLP----RKEGL-DPVKYGGYAKAVESYAV-LITAD-eVK--KGKTKKVKT---LVNIPIID  SKKYEA  1138
WP_039099354  1098  k-ASG  QLIPAKQdRPTAL-----YGGYSGKTVAYMC---IVR--IKnkKGDLYKVCGVETSWLAQLKQ  KKAFLK  1170
AKP02966      1119  k----  KLIA----QKKDM-DPNIYGGFSGDNKSSIT---IVK--ID-----NNKIKPVA--IPIRLIN  ----DK  1172
WP_010991369  1096  --NSS  KLIP----RKTNW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-VI--E--YA--KGK-NKLVFEKKIIRVTIME  RKAFEK  1154
WP_033838504  1096  --NSS  KLIS----RKTNW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-VI--E--YA--KGK-NKLVFEKKIIRVTIME  RKAFEK  1154
EHN60060      1099  --NSS  KLIS----RKTNW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-VI--E--YA--KGK-NKLVFEKKIIRVTIME  RKAFEK  1157
EFR89594      865   --NSS  KLIP----RKTNW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-VI--E--YA--KGK-NKLVFEKKIIRVTIME  RKAFEK  923
WP_038409211  1096  --NSS  KLIS----RKADW-NPIKYGGFDGSNMAYSI-VI--E--YE--KRK-KKTVIKKELLQINIME  RVAFEK  1154
EFR95520      715   --NSS  KLIS----RKADW-NPIKYGGFDGSNMAYSI-VI--E--YE--KRK-KKTVIKKELLQINIME  RVAFEK  773
WP_003723650  1096  --NSS  KLIP----RKENW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-II--E--HA--KGK-KKIVIEKKLIQINIME  RKMFEK  1154
WP_003727705  1096  --NSS  KLIP----RKENW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-II--E--HA--KGK-KKIVIEKKLIQINIME  RKMFEK  1154
WP_003730785  1096  --NSS  KLIP----RKENW-DPVKYGGLDSPNMAYAV-II--E--HA--KGK-KKIVIEKKLIQINIME  RKMFEK  1154
WP_003733029  1096  --KSN  KLIP----RKKDW-DPIKYGGFDGSKMAYAI-II--E--YE--KQK-RKVRIEKKLIQINIME  REAFEK  1154
WP_003739838  1096  --NSS  KLIP----RKENW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-II--E--HA--KGK-KKVVFEKKIIRITIME  RKAFEK  1154
```

【数１６６】

```
WP_014601172  1096  --NSS  KLIP----RKENW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-II--E--HA--KGK-KKLIFEKKLIRITIME  RKMFEK  1154
WP_023548323  1096  --DSS  KLIP----KKTNL-NPIKYGGFEGSNMAYAI-II--E--HE--KRK-KKVTIEKKLIQINIME  RKAFEK  1154
WP_031665337  1096  --NSS  KLIP----RKENW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-II--E--HA--KGK-KRIVIEKKLIQINIME  RKMFEK  1154
WP_031669209  1096  --KSN  KLIP----RKKDW-DPIKYGGFDGSKMAYAI-II--E--YE--KQK-RKVRIEKKLIQINIME  REAFEK  1154
WP_033920898  1096  --DSS  KLIP----KKTNL-NPIKYGGFEGSNMAYAI-II--E--HE--KRK-KKVTIEKKLIQINIME  RKAFEK  1154
AKI42028      1099  --NSS  KLIP----RKENW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-II--E--HA--KGK-KKLIFEKKIIRITIME  RKMFEK  1157
AKI50529      1099  --DSS  KLIP----KKTNL-NPIKYGGFEGSNMAYAI-II--E--HE--KRK-KKVTIEKKLIQINIME  RKAFEK  1157
EFR83390      544   --NSS  KLIP----RKENW-DPMKYGGLDSPNMAYAV-II--E--HA--KGK-KKIVIEKKLIQINIME  RKMFEK  602
WP_046323366  1096  --NSS  KLIP----RKADW-DPIKYGGFDGSNMAYAI-VI--E--HE--KRK-KKTVIKKELIQINIME  RTAFEK  1154
AKE81011      1131  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITTIME  RSSFEK  1192
CUO82355      1089  hsAKG  AVIP---vNKNRK-DVNKYGGFSG--LQYVI----AA--IEgtKKKGKKLVKVRKLSGIPLYL  KQADIK  1153
WP_033162887  1090  hsEKG  ATVP---lNKYRA-DVHKYGGFGN--VQSII----VA--IEgkKKKGKKLIDVRKITSIPLHL  KNAPVE  1154
AGZ01981      1148  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITTIME  RSSFEK  1209
AKA60242      1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITTIME  RSSFEK  1176
AKS40380      1115  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITTIME  RSSFEK  1176
4UN5_B        1119  --NSD  KLIA----RKKDW-DPKKYGGFDSPTVAYSV-LVVAK--VE--KGKSKKLKSVKELLGITTIME  RSSFEK  1180
```

【数１６７】

```
WP_010922251  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_039695303  1186  NPV---EFLE---NKGYHN--I-REDKLIK--LPKYSLFE---FEGGRRRLLAS  1248
WP_045635197  1184  NPI---TFLE---NKGYHN--V-RKENILC--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS  1246
5AXW_A         913  KPYrfdVYLD---NGVYKFvtV-KNLDVIK----KENYYE---VNSKAYEEAKK   978
WP_009880683   861  DPV---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS   923
WP_010922251  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_011054416  1177  DPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_011284745  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIVK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_011285506  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_011527619  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_012560673  1177  DPV---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_014407541  1176  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1238
WP_020905136  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_023080005  1176  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1238
WP_023610282  1176  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1238
WP_030125963  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_030126706  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_031488318  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_032460140  1177  DPV---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_032461047  1177  DPV---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_032462016  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_032462936  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_032464890  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_033888930  1002  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1064
WP_038431314  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_038432938  1176  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1238
WP_038434062  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
BAQ51233      1088  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1150
KGE60162       352  DPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS   414
KGE60856       115  DPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS   177
WP_002989955  1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-RKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  1239
WP_003030002  1159  HPV---DFLE---QRGYRN--V-RLEKIIK--LPKYSLFE---LENKRRRLLAS  1221
WP_003065552  1187  NPV---EFLE---NKGYHN--I-REDKLIK--LPKYSLFE---FEGGKRRLLAS  1249
WP_001040076  1178  NPS---AFLE---SKGYLN--I-RTDKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS  1240
WP_001040078  1186  NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS  1248
WP_001040080  1178  NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS  1240
WP_001040081  1178  NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS  1240
WP_001040083  1178  NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS  1240
WP_001040085  1178  NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS  1240

WP_010922251  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_039695303  1248  ASELQKGNEMVLPGYLVELLYHA
WP_045635197  1246  AKELQKGNEIVLPVYLTTLLYHS
5AXW_A         978  -KKISNQAEFIASFYNNDLIKIN
WP_009880683   923  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_010922251  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_011054416  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_011284745  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_011285506  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_011527619  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_012560673  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_014407541  1238  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_020905136  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_023080005  1238  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_023610282  1238  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_030125963  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_030126706  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_031488318  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_032460140  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_032461047  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_032462016  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_032462936  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_032464890  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_033888930  1064  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_038431314  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_038432938  1238  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_038434062  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
BAQ51233      1150  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
KGE60162       414  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
KGE60856       177  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_002989955  1239  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA
WP_003030002  1221  ARELQKGNELVIPQRFTTLLYHS
WP_003065552  1249  ASELQKGNEMVIPGHLVKLLYHA
WP_001040076  1240  AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA
WP_001040078  1248  AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA
WP_001040080  1240  AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA
WP_001040081  1240  AGETIDRLQKGNELALPTQFMKFLYLA
WP_001040083  1240  AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA
WP_001040085  1240  AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA
```

【数１６８】

```
WP_001040087 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040088 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040089 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040090 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040091 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040092 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RTDKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_001040094 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040095 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RTDKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_001040096 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RTDKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_001040097 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS ADELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040098 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040099 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040100 1178 NPS---AFLE---SKGYLD--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040104 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040105 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_001040106 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_001040107 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_001040108 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_001040109 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_001040110 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_015058523 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RTDKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_017643650 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS ADELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_017647151 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_017648376 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_017649527 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_017771611 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_017771984 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
CFQ25032     1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
CFV16040     1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
KLJ37842     1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
KLJ72361     1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
KLL20707     1192 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1254
KLL42645     1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_047207273 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_047209694 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_050198062 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_050201642 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
WP_050204027 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RDDKLMI--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_050881965 1178 NLS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
```

【数１６９】

```
WP_050886065 1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
AHN30376     1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RTDKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQYMKFLYLA 1240
EAO78426     1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RADKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
CCW42055     1178 NPS---AFLE---SKGYLN--I-RTDKLII--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AGELQKGNELALPTQFMKFLYLA 1240
WP_003041502 1186 DKR---AFLL---GKGYKD--I-K--KIIE--LPKYSLFE---LKDGSRRMLAS RGEIHKGNELFVPQKFTTLLYHA 1253
WP_037593752 1160 NPV---DFLE---QRGYRN--V-RLEKIIK--LPKYSLFE---LENKRRRLLAS ARELQKGNELVIPQRFTTLLYHS 1222
WP_049516684 1160 HPV---DFLE---QRGYRN--V-RLEKIIK--LPKYSLFE---LENKRRRLLAS ARELQKGNELVIPQRFTTLLYHS 1222
GAD46167     1159 NPV---DFLE---QRGYRN--V-RLEKIIK--LPKYSLFE---LENKRRRLLAS ARELQKGNELVIPQRFTTLLYHS 1221
WP_018363470 1191 NPV---EFLK---NKGYQN--V-QEDKLMK--LPKYSLFE---FEGGRRLLAS ATELQKGNEIMLSAHLVALLYHA 1253
WP_003043819 1186 DPI---GFLE---AKGYKD--I-KKELIFK--LPKYSLFE---LENGRRRMLAS --ELQKANELVLPQHLVRLIYYT 1248
WP_006269658 1159 NPV---DFLE---QRGYRN--V-RLEKIIK--LPKYSLFE---LENKRRRLLAS AKELQKGNELVIPQRFTTLLYHS 1221
WP_048800889 1179 NPI---MFLE---SKGYRN--I-QKDKLIK--LPKYSLFE---FEGGRRLLAS AVELQKGNEMVLPQYLNNLLYHA 1241
WP_012767106 1178 NPL---KFIE---DKGYGN--V-QIDKCIK--LPKYSLFE---FENGTRRMLAS RGDLQKANEMFLPAKLVTLLY-- 1245
WP_014612333 1178 NPL---KFIE---DKGYGN--V-QIDKCIK--LPKYSLFE---FENGTRRMLAS RGDLQKANEMFLPAKLVTLLY-- 1245
WP_015017095 1178 NPL---KFIE---DKGYGN--V-QIDKCIK--LPKYSLFE---FENGTRRMLAS RGDLQKANEMFLPAKLVTLLY-- 1245
WP_015057649 1178 NPL---KFIE---DKGYGN--V-QIDKCIK--LPKYSLFE---FENGTRRMLAS RGDLQKANEMFLPAKLVTLLY-- 1245
WP_048327215 1178 NPL---KFIE---DKGYGN--V-QIDKCIK--LPKYSLFE---FENGTRRMLAS RGDLQKANEMFLPAKLVTLLY-- 1245
WP_049519324 1178 NPL---KFIE---DKGYGN--V-QIDKCIK--LPKYSLFE---FENGTRRMLAS RGDLQKANEMFLPAKLVTLLY-- 1245
WP_012515931 1157 NPV---VFLE---ARGYRE--I-QEHLIIK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS -SELQKGNELFLPVDYMTFLYLA 1219
WP_021320964 1157 NPV---VFLE---AKGYRE--I-QEHLIIK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS -SELQKGNELFLPVDYMTFLYLA 1219
WP_037581760 1157 NPV---VFLE---AKGYRE--I-QEHLIIK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS -SELQKGNELFLPVDYMTFLYLA 1219
WP_004232481 1189 NPV---SFLE---KKGYHN--V-QEDKLIK--LPKYSLFE---FEGGRRLLAS ATELQKGNEVVLPQYMVNLLYHS 1251
WP_009854540 1184 NPV---EFLE---NKGYHN--I-REDKLIK--LPKYSLFE---FEGGRRLLAS ASELQKGNEMVLPGYIVELLYHA 1246
WP_012962174 1185 NPV---VFLE---KKGYQN--V-QEDNLIK--LPKYSLFE---FEGGRRLLAS ASELQKGNEVVLSRHLVELLYHA 1247
WP_039695303 1186 NPV---EFLE---NKGYHN--I-REDKLIK--LPKYSLFE---FEGGRRLLAS ASELQKGNEMVLPGYIVELLYHA 1248
WP_014334983 1189 NPV---SFLE---KKGYHN--V-QEDKLIK--LPKYSLFE---FEGGRRLLAS ATELQKGNEVMLPAHLVELLYHA 1251
WP_003099269 1177 DPI---AFLE---KKGYQD--I-QTSSIIK--LPKYSLFE---LENGRKRLLAS --ELQKGNELALPNKYVKFLYLA 1239
AHY15608     1177 DPI---AFLE---KKGYQD--I-QTSSIIK--LPKYSLFE---LENGRKRLLAS --ELQKGNELALPNKYVKFLYLA 1239
AHY17476     1177 DPI---AFLE---KKGYQD--I-QTSSIIK--LPKYSLFE---LENGRKRLLAS --ELQKGNELALPNKYVKFLYLA 1239
ESR09100     9    DPI---AFLE---KKGYQD--I-QTSSIIK--LPKYSLFE---LENGRKRLLAS -KELQKGNELALPNKYVKFLYLA 71
AGM98575     1177 DPI---AFLE---KKGYQD--I-QTSSIIK--LPKYSLFE---LENGRKRLLAS --ELQKGNELALPNKYVKFLYLA 1239
ALF27331     1159 NPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIVK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS ARELQKGNEIVLPNHLGTMLYHA 1221
WP_018372492 1168 EPEr---FLA---QKGFER--V-EKT--IK--LPKYSLFE---MEKGRRRLLAS SGELQKGNQVLLPEHLIRLLSYA 1228
WP_045618028 1189 NPI---AYLE---ECGYKN--I-NPNLIIK--LPKYSLFE---FNNGQRRLLAS SIELQKGNELIVPYHFTALIYHA 1251
WP_045635197 1184 NPI---TFLE---NKGYHN--V-RKENILC--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AKELQKGNEIVLPVYLTTLLYHS 1246
WP_002263549 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002263887 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002264920 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002269043 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
```

【数１７０】

```
WP_002269448 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002271977 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002272766 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002273241 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002275430 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002276448 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002277050 1167 NPV---KFLK---DKGYQQ--I-EKNNFVK--LPKYTLVD---IGNGIKRLWAS 1229 SKEVHKGNQLVVSKKSQDLLYHA 1229
WP_002277364 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002279025 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002279859 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002280230 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002281696 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002282247 1167 NPV---KFLK---DKGYQQ--I-EKNNFVK--LPKYTLVD---IGNGIKRLWAS 1229 SKEVHKGNQLVVSKKSQDLLYHA 1229
WP_002282906 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002283846 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002287255 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002288990 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002289641 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002290427 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002295753 1159 DPI---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002296423 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002304487 1173 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1235 ARELQKGNEIVLPNHLETLLYHA 1235
WP_002305844 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002307203 1159 DPI---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002310390 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_002352408 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPDHLGTLLYHA 1221
WP_012997688 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_014677909 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_019312892 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_019313659 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_019314093 1159 DPI---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_019315370 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_019803776 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_019805234 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_024783594 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_024784288 1167 NPV---KFLK---DKGYQQ--I-EKNNFVK--LPKYTLVD---IGNGIKRLWAS 1229 SKEVHKGNQLVVSKKSQDLLYHA 1229
WP_024784666 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_024784894 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS 1221 ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_024786433 1167 NPV---KFLK---DKGYQQ--I-EKNNFVK--LPKYTLVD---IGNGIKRLWAS 1229 SKEVHKGNQLVVSKKSQDLLYHA 1229
```

【数１７１】

```
WP_049473442 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
WP_049474547 1159 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1221
EMC03581     1152 DPV---AFLE---RKGYRN--V-QEENIIK--LPKYSLFK---LENGRKRLLAS ARELQKGNEIVLPNHLGTLLYHA 1214
WP_000428612 1187 SPI---AFLE---NKGYHN--V-RKENILC--LPKYSLFE---LKNGRRRMLAS AKELQKGNEIVLPVHLTTLLYHA 1249
WP_000428613 1185 NPI---TFLE---NKGYHN--V-RKENILC--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AKELQKGNEIVLPVYLTTLLYHS 1247
WP_049523028 1180 NPV---AFLE---GKGYQN--V-VEENIIR--LPKYSLFE---LENGRRRMLAS AKELQKGNEMVLPSYLIALLYHA 1242
WP_003107102 1146 DRI---TFLE---KKGYQD--I-QESLIIK--LPKFSLFE---LENGRKRLLAS --ELQKGNELSLPNKYIQFLYLA 1208
WP_054279288 1179 NPI---AFLE---SKGYHD--I-QEHLMIT--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS --ELQKGNEMVLPQHLVTFLYRV 1241
WP_049531101 1189 NPT---AYLE---EYGYKN--I-NPNLIIK--LPKYSLFK---FNDGQRRLLAS SIELQKGNELILPYHFTTLLYHA 1251
WP_049538452 1189 NPI---AYLE---ECGYKN--I-NPNLIIK--LPKYSLFE---FNGGQRRLLAS SIELQKGNELILPYHFTALLYHT 1251
WP_049549711 1191 NPI---AYLE---ECGYKN--I-NPNLIIK--LPKYSLFE---FNGGQRRLLAS SIELQKGNELILPYHFTALLYHA 1253
WP_007896501 1183 DNI---AFLE---KKGYQD--I-QEKLLIK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS --EFQKGNELALSGKYMKFLYLA 1245
EFR44625     1135 DNI---AFLE---KKGYQD--I-QEKLLIK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS --EFQKGNELALSGKYMKFLYLA 1197
WP_002897477 1184 NPI---TFLE---NKGYHN--V-RKENILC--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AKELQKGNEIVLPVYLTTLLYHS 1246
WP_002906454 1190 NPV---TYLE---ECGYKN--I-NSNLIIK--LPKYSLFE---FNDGQRRLLAS SIELQKGNELILPYHLTALLYHA 1252
WP_009729476 1185 NPI---AFLE---NKGYHN--V-CKENILC--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AKELQKCNEIVLPVYLTTLLYHS 1247
CQR24647     1175 NSV---TFLE---EKGYRN--I-RENTTIK--FPKYSLFE---LENGRRRLLAS AIELQKGNEMFLPQQFVNLLYHA 1237
WP_000066813 1189 NPI---TFLE---NKGYHN--V-RKENILC--LPKYSLFE---LESGRRRMLAS AKELQKGNEIVLPVYLTTLLYHS 1251
WP_009754323 1185 NPI---TFLE---NKGYHN--V-RKENILC--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AKELQKGNEIVLPVYLTTLLYHS 1247
WP_044674937 1178 NPI---EFLE---HKGYKN--I-LEKNIIK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AKELQKGNEMILPPHLVTLLYHS 1240
WP_044676715 1180 NPI---EFLE---HKGYKN--I-LEKNIIK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AKELQKGNEMILPPHLVTLLYHS 1242
WP_044680361 1180 NPI---EFLE---HKGYKN--I-LEKNIIK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AKELQKGNEMILPPHLVTLLYHS 1242
WP_044681799 1178 NPI---EFLE---HKGYKN--I-LEKNIIK--LPKYSLFE---LENGRRRLLAS AKELQKGNEMILPPHLVTLLYHS 1240
WP_049533112 1186 DKR---AFLL---GKGYKD--I-K--KIIE--LPKYSLFE---LKDGSRRMLAS RGEIHKGNELFVPQKFTTLLYHA 1253
WP_029090905 1118 SETslqAYIA---EQIKSE--VeILN----grILKYQLIS----NNGNRLYIAG -SERHNARQLIVSDEAAKVIWLI 1181
WP_006506696 1150 EKI---NYIE--eKEGLSD--VrIIK---Dn-IPVNQMIEm----DGGEYLLTS --EYVNARQLVLNEKQCALIADI 1211
AIT42264     1177 NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA 1239
WP_034440723 1150 QTT---EYLG---KIGFNK--AsIIN---S--FKNYTLFE---LENGSRRMIVG KGELQKGNQMYLPQNLLEFVYHL 1217
AKQ21048     1177 NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA 1239
WP_004636532 1151 HPT---AYLE---EAGYNN--P-TV--LHE--LFKYQLFE---LEDGSRRMIAS AKEFQKGNQMVLPLEIVELLYHA 1211
WP_002364836 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1217
WP_016631044 1108 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1168
EMS75795     893  DPI---GFLS---NKGYSN--V-TKF--IK--LSKYTLYE---LENGRRRMVAS -KEAQKANSFILPEKLVTLLYHA 953
WP_002373311 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1217
WP_002378009 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYQ---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1217
WP_002407324 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1217
WP_002413717 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1217
WP_010775580 1159 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1219
WP_010818269 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1217
```

【数１７２】

```
WP_010824395 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLITLIYHA 1217
WP_016622645 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1217
WP_033624816 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPERLLTLLYHA 1217
WP_033625576 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1217
WP_033789179 1157 NPI---LFLE---EKGFLR--P-RV--LMK--LPKYTLYE---FPEGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPEHLLTLLYHA 1217
WP_002310644 1159 SPV---LFLK---NKGYEQ--A-EIE--MK--LPKYALFE---LENGRKRMVAS -KEAQKANSFLLPEHLVTLLYHA 1219
WP_002312694 1160 SPV---LFLK---NKGYEQ--A-EIE--MK--LPKYALFE---LENGRKRMVAS -KEAQKANSFLLPEHLVTLLYHA 1220
WP_002314015 1160 SPV---LFLK---NKGYEQ--A-EIE--MK--LPKYALFE---LENGRKRMVAS -KEAQKANSFLLPEHLVTLLYHA 1220
WP_002320716 1160 SPV---LFLK---NKGYEQ--A-EIE--MK--LPKYALFE---LENGRKRMVAS -KEAQKANSFLLPEHLVTLLYHA 1220
WP_002330729 1159 SPV---LFLK---NKGYEQ--A-EIE--MK--LPKYALFE---LENGRKRMVAS -KEAQKANSFLLPEHLVTLLYHA 1219
WP_002335161 1160 SPV---LFLK---NKGYEQ--A-EIE--MK--LPKYALFE---LENGRKRMVAS -KEAQKANSFLLPEHLVTLLYHA 1220
WP_002345439 1160 SPV---LFLK---NKGYEQ--A-EIE--MK--LPKYALFE---LENGRKRMVAS -KEAQKANSFLLPEHLVTLLYHA 1220
WP_034867970 1150 DPT---TFLK---EKGFPQ--V-TEF--IK--LPKYTLFE---FDNGRRRFLAS -KESQKGNPFTLSDQLVTLLYHA 1210
WP_047937432 1160 SPV---LFLK---NKGYEQ--A-EIE--MK--LPKYALFE---LENGRKRMVAS -KEAQKANSFLLPEHLVTLLYHA 1220
WP_010720994 1150 DPT---TFLK---DKGFPQ--V-TEF--IK--LPKYTLFE---FDNGRRRFLAS -KESQKGNPFILSDQLVTLLYHA 1210
WP_010737004 1150 DPT---TFLK---EKGFPQ--V-TEF--IK--LPKYTLFE---FDNGRRRFLAS -KESQKGNPFILSDQLVTLLYHA 1210
WP_034700478 1150 DPT---TFLK---DKGFPH--V-TEF--IK--LPKYTLFE---FDNGRRRFLAS -KESQKGNPFILSDQLVTLLYHA 1210
WP_007209003 1148 NPIl---YLS---KKDYHN---pKVEAI----LPKYSLFE---FENGRRRMVAS -SETQKGNQLIIPGHLMELLYHS 1208
WP_023519017 1144 DPR---EFLK---TKGYEG--V-KQW--LI--LPKYILFE---AQGGYRRMIAS -QETQKANSLILPENLVTLLYHA 1204
WP_010770040 1155 DPV---SLLE---EKGYAN--P-EV--LIH--LPKYTLYE---LENGRRRLLAS ANEAQKGNQLVLPASLVTLLYHA 1215
WP_048604708 1152 NER---EFLK---NKGYQN--P-QI--CMK--LPKYSLYE---FDDGRRRLLAS AKEAQKGNQMVLPAHLVTFLYHA 1212
WP_010750235 1153 DPI---SFLI---EKGYSN--V-NQF--IK--LPKYTLFE---LANGQRRMLAS -QELQKANSFILPEKLVTLLYHA 1213
AII16583     1216 NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA 1278
WP_029073316 1165 TKI---NYIK--eSEGLEE--VkIIK---E--ILKNQLIEi----NGGLFYVTS --EIVNARQLILDFNCTRIIDGI 1225
WP_031589969 1165 IKI---NYLK--qAEDLEE--VqIGK---E--ILKNQLIEk----DGGLYYIVA --EIINAKQLILNESQTKIVCEI 1225
KDA45870     1139 DPT---AYLA---SRGYTNvtNsFIL-------PKYSLLEd---PEGRRRYLAS -KEFQKANELILPQHLVELLYWV 1199
WP_039099354 1171 QKI-spQFTKv---KKQKGtiV-KVVEDFEv-IAPHILINqrfFDNGQELTLGS ----HNEQLIIDKTAVKLLNGA 1241
AKP02966     1173 KTL--qNWLE---ENVKHKksIqIIK---Nn-VPIGQIIY------SKKVGLLS -REIANRQQLILPPEHSALLRIL 1237
WP_010991369 1155 DEK---AFLE---EQGYRQ--P-KV--LAK--LPKYTLYE---CEEGRRRMLAS ANEAQKGNQQVLPNHLVTLLHHA 1215
WP_033838504 1155 DEK---AFLE---EQGYRQ--P-KV--LAK--LPKYTLYE---CEEGRRRMLAS ANEAQKGNQQVLPNHLVTLLHHV 1215
EHN60060     1158 DEK---AFLE---EQGYRQ--P-KV--LAK--LPKYTLYE---CEEGRRRMLAS ANEAQKGNQQVLPNHLVTLLHHV 1218
EFR89594     924  DEK---AFLE---EQGYRQ--P-KV--LAK--LPKYTLYE---CEEGRRRMLAS ANEAQKGNQQVLPNHLVTLLHHA 984
WP_038409211 1155 DQK---AFLE---EKGYYS--P-KV--LTK--IPKYTLYE---CENGRRRMLGS ANEAQKGNQMVLPNHLMTLLYHA 1215
EFR95520     774  DQK---AFLE---EKGYYS--P-KV--LTK--IPKYTLYE---CENGRRRMLGS ANEAQKGNQMVLPNHLMTLLYHA 834
WP_003723650 1155 DEE---AFLE---EKGYRH--P-KV--LTK--LPKYTLYE---CEKGRRRMLAS ANEAQKGNQLVLSNHLVSLLYHA 1215
WP_003727705 1155 DEE---AFLE---EKGYHQ--P-KV--LTK--LPKYTLYE---CEKGRRRMLSS ANEAQKGNQLVLSNHLVSLIYHA 1215
WP_003730785 1155 DEE---AFLE---EKGYHQ--P-KV--LTK--LPKYTLYE---CEKGRRRMLSS ANEAQKGNQLVLSNHLVSLLYHA 1215
WP_003733029 1155 DEK---TFLE---EKGYHQ--P-KV--LIK--VPKYTLYE---CKNGRRRMLGS ANEAHKGNQMLLPNHLMALLYHA 1215
WP_003739838 1155 DEK---SFLE---KQGYRQ--P-KV--LTK--LPKYTLYE---CENGRRRMLAS ANEAQKGNQQVLKGQLITLLHHA 1215
```

【数１７３】

```
WP_014601172  1155  DEE---AFLE---EKGYRH--P-KV--LTK--LPKYTLYE---CEKGRRRMLAS  ANEAQKGNQLVLSNHLVSLLYHA  1215
WP_023548323  1155  DEK---VFLE---GKGYHQ--P-KV--LTK--LPKYALYE---CENGRRRMLGS  ANEVHKGNQMLLPNHLMTLLYHA  1215
WP_031665337  1155  DEE---AFLE---EKGYRH--P-KV--LTK--LPKYTLYE---CEKGRRRMLAS  ANEAQKGNQLVLSNHLVSLLYHA  1215
WP_031669209  1155  DEK---TFLE---EKGYHQ--P-KV--LIK--VPKYTLYE---CENGRRRMLGS  ANEAHKGNQMLLPNHLMALLYHA  1215
WP_033920898  1155  DEK---VFLE---GKGYHQ--P-KV--LTK--LPKYALYE---CENGRRRMLGS  ANEVHKGNQMLLPNHLMTLLYHA  1215
AKI42028      1158  DEE---AFLE---EKGYRH--P-KV--LTK--LPKYTLYE---CEKGRRRMLAS  ANEAQKGNQLVLSNHLVSLLYHA  1218
AKI50529      1158  DEK---VFLE---GKGYHQ--P-KV--LTK--LPKYALYE---CENGRRRMLGS  ANEVHKGNQMLLPNHLMTLLYHA  1218
EFR83390      603   DEE---AFLE---EKGYRH--P-KV--LTK--LPKYTLYE---CEKGRRRMLAS  ANEAQKGNQLVLSNHLVSLLYHA  663
WP_046323366  1155  DQK---EFLE---GKGYRN--P-KV--ITK--IPKYTLYE---CENGRRRMLGS  ANEAQKGNQMVLPNHLMTLLYHA  1215
AKE81011      1193  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA  1255
CUO82355      1154  EQI---EYVE--kEEKLSD--VkIIK---Nn-IPLNQLIEi----DGRQYLLTS  --ECVNAMQLVLNEEQCKLIADI  1215
WP_033162887  1155  EQL---SYIAspeHEDLID--VrIVK---E--ILKNQLIEi----DGGLYYVTS  --EYVTARQLSLNEQSCKLISEI  1217
AGZ01981      1210  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA  1272
AKA60242      1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA  1239
AKS40380      1177  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA  1239
4UN5_B        1181  NPI---DFLE---AKGYKE--V-KKDLIIK--LPKYSLFE---LENGRKRMLAS  -GELQKGNELALPSKYVNFLYLA  1243
```

【数１７４】

```
WP_010922251  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_039695303  1249  HRAD----NFNS-TEYLN--YVSEHKKEFEKVLSCVEDFANLYVDVE--KNLSKIR-A  VAD-SM---DNFSIEE--  1308
WP_045635197  1247  KNVH----KLDE-PGHLE--YIQKHRNEFKDLLNLVSEFSQKYVLAD--ANLEKIK-S  LYA-DN---EQADIEI--  1306
5AXW_A        979   GELYRVIgVNNDlLNRIE--VNMIDITYREYLENMNDKRPPRIIKTiaSKTQSIK-K  LYEvKSk--KHPQIIKkg  1056
WP_009880683  924   SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  989
WP_010922251  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_011054416  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_011284745  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_011285506  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_011527619  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_012560673  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_014407541  1239  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1304
WP_020905136  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_023080005  1239  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1304
WP_023610282  1239  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1304
WP_030125963  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_030126706  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_031488318  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_032460140  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_032461047  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_032462016  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_032462936  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_032464890  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_033888930  1065  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1130
WP_038431314  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_038432938  1239  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1304
WP_038434062  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
BAQ51233      1151  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1216
KGE60162      415   SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  480
KGE60856      178   SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  243
WP_002989955  1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_003030002  1222  YQIE----KNYE-PEHRE--YVEKHKDEFKELLEYISVFSRKYVLAD--NNLTKIE-M  LFS-KN---KDAEVSS--  1281
WP_003065552  1250  QRIN----SFNS-TKYLD--YVSAHKKEFEKVLSCVEDFANLYVDVE--KNLSKIR-A  VAD-SM---DNFSIEE--  1309
WP_001040076  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDIFQIINDFSKRVILAD--ANLEKIN-R  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_001040078  1249  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1314
WP_001040080  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040081  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040083  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040085  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
```

【数１７５】

```
WP_001040087  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040088  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040089  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040090  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040091  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040092  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHISYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYS-DNk--DNTPVDE--  1306
WP_001040094  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_001040095  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_001040096  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_001040097  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_001040098  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_001040099  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_001040100  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_001040104  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040105  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040106  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040107  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040108  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040109  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_001040110  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_015058523  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYS-DNk--DNTPVDE--  1306
WP_017643650  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_017647151  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_017648376  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_017649527  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_017771611  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_017771984  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
CFQ25032      1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
CFV16040      1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
KLJ37842      1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
KLJ72361      1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
KLL20707      1255  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1320
KLL42645      1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_047207273  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_047209694  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENIPVDE--  1306
WP_050198062  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_050201642  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_050204027  1241  SRYNELKgKPEEiEQKQE--FVVQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_050881965  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
```

【数１７６】

```
WP_050886065  1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
AHN30376      1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYS-DNk--DNTPVDE--  1306
EAO78426      1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQLINDFSKRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
CCW42055      1241  SRYNESKgKPEEiEKKQE--FVNQHVSYFDDILQIINDFSNRVILAD--ANLEKIN-K  LYQ-DNk--ENISVDE--  1306
WP_003041502  1254  KRIN----NPIN-KDHIE--YVKKHRDDFKELLNYVLEFNEKYVGAT--KNGERLK-E  AVA-DF---DSKSNEE--  1313
WP_037593752  1223  YQIE----KNYE-PEHRE--YVEKHKDEFKELLEYISVFSRKYVLAD--NNLTKIE-M  LFS-KN---KDAEVSS--  1282
WP_049516684  1223  YRIE----KDYE-PEHRE--YVEKHKDEFKELLEYISVFSRKYVLAD--NNLTKIE-M  LFS-KN---KDAEVSS--  1282
GAD46167      1222  YQIE----KNYE-PEHRE--YVEKHKDEFKELLEYISVFSRKYVLAD--NNLTKIE-M  LFS-KN---KDAEVSS--  1281
WP_018363470  1254  HRIG----NFNS-AEHLK--YVSEHKKEFEEVLSCVENFANVYVDVE--KNLSKIR-A  AAD-SM---DNFSIEE--  1313
WP_003043819  1249  QNISATTgSNNLg-------YIEQHREEFKEIFEKIIDFSEKYILKN--KVNSNLK-S  SFD-EQfavSDSIL--l-  1310
WP_006269658  1222  YRIE----KDYE-PEHRE--YVEKHKDEFKELLEYISVFSRKYVLAD--NNLTKIE-M  LFS-KN---KDAEVSS--  1281
WP_048800889  1242  HRID----NSDN-SEHLK--YITEHKEEFGKLLSYIENFAKSYVDVD--KNLEKIQ-L  AVE-KI---DSFSVKE--  1301
WP_012767106  1246  -HAHKIEsSKE--LEHEA--YILDHYNDLYQLLSYIERFASLYVDVE--KNISKVK-E  LFS-NI---ESYSISEi-  1308
WP_014612333  1246  -HAHKIEsSKE--LEHEA--YILDHYNDLYQLLSYIERFASLYVDVE--KNISKVK-E  LFS-NI---ESYSISEi-  1308
WP_015017095  1246  -HAHKIEsSKE--LEHEA--YILDHYNDLYQLLSYIERFASLYVDVE--KNISKVK-E  LFS-NI---ESYSISEi-  1308
WP_015057649  1246  -HAHKIEsSKE--LEHEA--YILDHYNDLYQLLSYIERFASLYVDVE--KNISKVK-E  LFS-NI---ESYSISEi-  1308
WP_048327215  1246  -HAHKIEsSKE--LEHEA--YILDHYNDLYQLLSYIERFASLYVDVE--KNISKVK-E  LFS-NI---ESYSISEi-  1308
WP_049519324  1246  -HAHKIEsSKE--LEHEA--YILDHYNDLYQLLSYIERFASLYVDVE--KNISKVK-E  LFS-NI---ESYSISEi-  1308
WP_012515931  1220  AHYHELTgSSEDvLRKKY--FVDRHLHYFDDIIQMINDFAERHILAS--SNLEKIN-H  TYH-NN---SDLPVNEr-  1285
WP_021320964  1220  AHYHELTgSSEDvLRKKY--FVERHLHYFDDIIQMINDFAERHILAS--SNLEKIN-H  TYH-NN---SDLPINEr-  1285
WP_037581760  1220  AHYHELTgSSEDvLRKKY--FVERHLHYFDDIIQMINDFAERHILAS--SNLEKIN-H  TYH-NN---SDLPVNEr-  1285
WP_004232481  1252  QHVN----NSHK-PEHLN--YVKQHKDEFKDIFNLIISIARINILKP--KVVDNL---  -IN-EF---TEYGQED--  1308
WP_009854540  1247  HRAD----NFNS-TEYLN--YVSEHKKEFEKVLSCVEDFANLYVDVE--KNLSKIR-A  VAD-SM---DNFSIEE--  1306
WP_012962174  1248  HRVN----SFNN-SEHLK--YVSEHKKEFGEVLSCVENFAKSYVDVE--KNLGKIR-A  VAD-KI---DTFSIED--  1307
WP_039695303  1249  HRAD----NFNS-TEYLN--YVSEHKKEFEKVLSCVEDFANLYVDVE--KNLSKIR-A  VAD-SM---DNFSIEE--  1308
WP_014334983  1252  HRID----SFNS-TEHLK--YVSEHKKEFEKVLSCVENFSNLYVDVE--KNLSKVR-A  AAE-SM---TNFSLEE--  1311
WP_003099269  1240  SHYTKFTgKEEDrEKKRS--YVESHLYYFDEIMQIIVEYSNRYILAD--SNLIKIQ-N  LYK-EKd---NFSIEEq-  1305
AHY15608      1240  SHYTKFTgKEEDrEKKRS--YVESHLYYFXEVKSSF----------------------  ----------------  1273
AHY17476      1240  SHYTKFTgKEEDrEKKRS--YVESHLYXFX-----------------------------  ----------------  1267
ESR09100      72    SHYTKFTgKEEDrEKKRS--YVESHLYYFDEIMQIIVEYSNRYILAD--SNLIKIQ-N  LYK--Ek---DNFSIEEq-  137
AGM98575      1240  SHYTKFTgKEEDrEKKRS--YVESHLYYFDVRLSQVFRVTNVEF----------------  ----------------  1281
ALF27331      1222  KNIH----KVDE-PKHLD--YVKKHKDEFKELLDVVSNFSKKNILAE--SNLEKIE-E  LYA-QN---NNKDITE--  1281
WP_018372492  1229  KKVDVLVkSKDD---DYD---LEEHRAEFAELLDCIKKFNDMYILAS--SNMSKIE-E  IYQ-KNi---DAPIEE--  1289
WP_045618028  1252  QRIN----KISE-PIHKQ--YVETHQSEFKELLTAIISLSKKYI-QK--PNVESL---  LQQ-AF---DQSDKDIyq  1310
WP_045635197  1247  KNVH----KLDE-PGHLE--YIQKHRNEFKDLLNLVSEFSQKYVLAD--ANLEKIK-S  LYA-DN---EQADIEI--  1306
WP_002263549  1222  KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E  LYA-QN---NGEDLKE--  1281
WP_002263887  1222  KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E  LYA-QN---NGEDLKE--  1281
WP_002264920  1222  KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E  LYA-QN---NGEDLKE--  1281
WP_002269043  1222  KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E  LYA-QN---NGEDLKE--  1281
```

【数１７７】

```
WP_002269448 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002271977 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002272766 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002273241 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002275430 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002276448 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002277050 1230 HHL-------DN-DYSNE--YVKNHYQQFDILFNEITSFSKKCKLGK--EHIQKIE-E 1287
WP_002277364 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002279025 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002279859 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002280230 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002281696 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002282247 1230 HHL-------DN-DYSNE--YVKNHYQQFDILFNEITSFSKKCKLGK--EHIQKIE-E 1287
WP_002282906 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002283846 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002287255 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002288990 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002289641 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002290427 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002295753 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002296423 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002304487 1236 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1295
WP_002305844 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002307203 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002310390 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_002352408 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_012997688 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_014677909 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_019312892 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_019313659 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_019314093 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_019315370 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_019803776 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_019805234 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_024783594 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_024784288 1230 HHL-------DN-DYSNE--YVKNHYQQFDILFNEITSFSKKCKLGK--EHIQKIE-E 1287
WP_024784666 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_024784894 1222 KNIH----KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E 1281
WP_024786433 1230 HHL-------DN-DYSNE--YVKNHYQQFDILFNEITSFSKKCKLGK--EHIQKIE-E 1287
```

【数１７８】

```
WP_049473442  1222  KNIH---KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E  LYA-QN---NGEDLKE--  1281
WP_049474547  1222  KNIH---KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E  LYA-QN---NGEDLKE--  1281
EMC03581      1215  KNIH---KVDE-PKHLD--YVDKHKDEFKELLDVVSNFSKKYTLAE--GNLEKIK-E  LYA-QN---NGEDLKE--  1274
WP_000428612  1250  KNIH----RLDE-PEHLE--YIQKHRNEFKGLLNLVSEFSQKYVLAD--ANLEKIK-N  LYA-DN---EQADIEI--  1309
WP_000428613  1248  KNVH----KLDE-PEHLE--YIQKHRNEFKDLLNLVSEFSQKYVLAD--ANLEKIQ-N  LYA-DN---EQADIEI--  1307
WP_049523028  1243  KRIQ----KKDE-PEHLE--YIKQHHSEFNDLLNFVSEFSQKYVLAE--SNLEKIK-N  LYI-DN---EQTNMEE--  1302
WP_003107102  1209  SRYTSFSgKEEDrEKHRH--FVESHLHYFDEIKDIIADFSRRYILAD--ANLEKIL-T  LYN-EKn---QFSIEEq-  1274
WP_054279288  1242  SKRDK--gTQSEnME-----YISNHKEKFIEIFHYIIRYAEKNVIKP--KVIERLN-D  TFNqKF---NDSDLTEl-  1303
WP_049531101  1252  QRIN----KISE-PIHKQ--YVETHQSEFEELLTTIISLSKKYI-QK--PIVESL---  LQQ-AF---EQADKDIyq  1310
WP_049538452  1252  QRIN----KISE-PIHKQ--YVEAHQNEFKELLTTIISLSKKYI-QK--PNVESL---  LQQ-AF---EQADKDIyq  1310
WP_049549711  1254  QRIN----KFSE-PIHKQ--YVEAHQNEFKELLTIIISLSKKYI-QK--PNVESL---  LHQ-AF---EQADNDIyq  1312
WP_007896501  1246  SRYDKLSsKIESeQQKKL--FVEQHLHYFDEILDIVVKHATCYIKAE--NNLKKII-S  LYK-KK---EAYSINEq-  1311
EFR44625      1198  SRYDKLSsKIESeQQKKL--FVEQHLHYFDEILDIVVKHATCYIKAE--NNLKKII-S  LYK-KK---EAYSINEq-  1263
WP_002897477  1247  KNLH----KLDE-PEHLE--YIQKHRNEFKDLLNLVSEFSQKYILAE--ANLEKIK-D  LYA-DN---EQADIEI--  1306
WP_002906454  1253  QRIN----KISE-PIHKQ--YVEAHQNEFKELLTTIISLSKKYI-QK--PNVELL---  LQQ-AF---DQADKDIyq  1311
WP_009729476  1248  KNVH----KLDE-PGHLE--YIQKHRNEFKDLLNLVSEFSQKYVLAD--ANLEKIK-N  LYA-DN---EQADIEI--  1307
CQR24647      1238  QHAN----KEDS----VI--YLEKHRHELSELFHHIIGVSEKTILKP--KVEMTLN-E  AFE-KHf---EFDEVSE--  1295
WP_000066813  1252  KNVH----KLDE-PEHLE--YIQKHRYEFKDLLNLVSEFSQKYVLAD--ANLEKIK-N  LYA-DN---EQADIEI--  1311
WP_009754323  1248  KNVH----KLDE-PEHLE--YIQKHRYEFKDLLNLVSEFSQKYVLAE--ANLEKIK-S  LYV-DN---EQADIEI--  1307
WP_044674937  1241  SNIH----KITE-PIHLN--YVNKNKHEFKELLRHISDFSTRYILAQ--DRLSKIE-E  LYD-KN---DGDDISD--  1300
WP_044676715  1243  SNIH----KITE-PIHLN--YVNKNKHEFKELLRHISDFSTRYILAQ--DRLSKIE-E  LYD-KN---DGDDISD--  1302
WP_044680361  1243  SNIH----KITE-PIHLN--YVNKNKHEFKELLRHISDFSTRYILAQ--DRLSKIE-E  LYD-KN---DGDDISD--  1302
WP_044681799  1241  SNIH----KITE-PIHLN--YVNKNKHEFKELLRHISDFSTRYILAQ--DRLSKIE-E  LYD-KN---DGDDISD--  1300
WP_049533112  1254  KRIN----NPIN-KDHIE--YVKKHRDDFKELLNYVLEFNEKYVGAT--KNGERLK-E  AVA-DF---DSKSNEE--  1313
WP_029090905  1182  STKQA-----DE-AMFLKyyRLEHLEAVFEEL---IRKQAADYQIFE--KLIKKIEvN  FYS-----C----TYNEk-  1240
WP_006506696  1212  YNAIYKQ-DYDNlDDILMi-----------QLYIELTNKMKVLYPAY-rGIAEKFE-S  YVV-----i----SKEEk-  1268
AIT42264      1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_034440723  1218  KHYNE-----DE--TSHK--FIVEHKAYFDELLNYIVEFANKYLELE--NSIEKIK-D  LYH-----gKGPDVEEke  1276
AKQ21048      1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQl--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1305
WP_004636532  1212  NRYDKVK-----fPDSIE--YVHDNLAKFDDLLEYVIDFSNKYINAD--KNVQKIQ-K  IYK-EH---GTEDVEL--  1271
WP_002364836  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
WP_016631044  1169  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1228
EMS75795       954  QHYDEIAhKESF-----D--YVNDHLSEFREILDQVIDFSNRYTIAA--KNTEKIA-E  LFE-QN---QESTVQS--  1013
WP_002373311  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
WP_002378009  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
WP_002407324  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
WP_002413717  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
WP_010775580  1220  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1279
WP_010818269  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
```

【数１７９】

```
WP_010824395  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
WP_016622645  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
WP_033624816  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
WP_033625576  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-TN---QTADVKE--  1277
WP_033789179  1218  KQCLL----PNQ-SESLA--YVEQHQPEFQEILERVVDFAEVHTLAK--SKVQQIV-K  LFE-AN---QTADVKE--  1277
WP_002310644  1220  KQYDEIShKESF-----D--YVNEHHKEFSEVFARVLEFAGKYTLAE--KNIEKLE-K  IYK-EN---QTDDLAK--  1279
WP_002312694  1221  KQYDEIShKESF-----D--YVNEHHKEFSEVFARVLEFAGKYTLAE--KNIEKLE-K  IYK-EN---QTDDLAK--  1280
WP_002314015  1221  KQYDEIShKESF-----D--YVNEHHKEFSEVFARVLEFAGKYTLAE--KNIEKLE-K  IYK-EN---QTDDLAK--  1280
WP_002320716  1221  KQYDEIShKESF-----D--YVNEHHKEFSEVFARVLEFAGKYTLAE--KNIEKLE-K  IYK-EN---QTDDLAK--  1280
WP_002330729  1220  KQYDEIShKESF-----D--YVNEHHKEFSEVFARVLEFAGKYTLAE--KNIEKLE-K  IYK-EN---QTDDLAK--  1279
WP_002335161  1221  KQYDEIShKESF-----D--YVNEHHKEFSEVFARVLEFAGKYTLAE--KNIEKLE-K  IYK-EN---QTDDLAK--  1280
WP_002345439  1221  KQYDEIShKESF-----D--YVNEHHKEFSEVFARVLEFAGKYTLAE--KNIEKLE-K  IYK-EN---QTDDLAK--  1280
WP_034867970  1211  QHYDKITyQESF-----D--YVNTHLSDFSAILTEVLAFAEKYTLAD--KNIERIQ-E  LYE-EN---KYGETSM--  1270
WP_047937432  1221  KQYDEIShKESF-----D--YVNEHHKEFSEVFARVLEFAGKYTLAE--KNIEKLE-K  IYK-EN---QTDDLAK--  1280
WP_010720994  1211  QHYDKITyQESF-----D--YVNTHLSDFSAILTEVLAFAEKYTLAD--KNIERIQ-E  LYE-EN---KYGEISM--  1270
WP_010737004  1211  QHYDKITyQESF-----D--YVNTHLSDFSAILTEVLAFAEKYTLAD--KNIERIQ-E  LYE-EN---KYGETSM--  1270
WP_034700478  1211  QHYDKITyQESF-----D--YVNTHLSDFSAILTEVLAFAEKYTLAD--KNIERIQ-E  LYE-EN---KYGEISM--  1270
WP_007209003  1209  KKIIN--gKNSD---SVS--YIQNNKEKFREIFEYIVDFSSKYISAD--ANLNKIE-K  IFE-NNfh----KASEqe  1269
WP_023519017  1205  RHYDEINhKVSF-----D--YVNAHKEGFNDIFDFISDFGVRYILAP--QHLEKIK-V  AYE-KN---KEVDLKE--  1264
WP_010770040  1216  KQVDE-----DS-GKSEE--YVREHRAEFAEILNYVVQAFSETKILAN--KNLQTIL-K  LYE-EN---KEADIKE--  1274
WP_048604708  1213  KHCNE-----KP-D-SLK--YVTEHQSGFSEIMAHVKDFAEKYTLVD--KNLEKIL-S  LYA-KN---MDSEVKE--  1270
WP_010750235  1214  NHYDEIAyKDSY-----D--YVNEHFSNFQDILDKVTIFAEKYTSAP--QKLNQII-A  TYE-KN---QEADRKI--  1273
AII16583      1279  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S  AYN-KH---RDKPIREq-  1344
WP_029073316  1226  YKAMKYK-NYSElSQEEIm----------NVYDIFVEKLKLYYPTY-kNIATNFE-N  FEN-----i-----SDEEk-  1282
WP_031589969  1226  YKAMKYK-NYDNlDSEKIi----------DLYRLLINKMELYYPEYrkQLVKKFE-D  LKV-----i-----SIEEk-  1283
KDA45870      1200  NAKDG----------EQKLE-----DHKAEFKELFDKIMEFADKYVVAP--KNSEKIR-R  LYE-ENq-----DATPme  1253
WP_039099354  1242  LPLTQ-----SEeLAEQV----------YDEILDQVMHYFPLYDTNQfrAKLSAGKaA  DGN-KMv-----QVGQqv  1306
AKP02966      1238  QIPDE------DpDQILAf----YDKNILVEIlQELiTKMKKFYPFY--KNEQEFLaS  FNQ----------ATTSEk-  1296
WP_010991369  1216  ANCEV-----SD-GKSLD--YIESNREMFAELLAHVSEFAKRYTLAE--ANLNKIN-Q  LFE-QN---KEGDIKA--  1274
WP_033838504  1216  ANCEV-----SD-GKSLD--YIESNREMFAELLAHVSEFAKRYTLAE--ANLNKIN-Q  LFE-QN---KEGDIKA--  1274
EHN60060      1219  ANCEV-----SD-GKSLD--YIESNREMFAELLAHVSEFAKRYTLAE--ANLNKIN-Q  LFE-QN---KEGDIKA--  1277
EFR89594      985   ANCEV-----SD-GKSLD--YIESNREMFAELLAHVSEFAKRYTLAE--ANLNKIN-Q  LFE-QN---KEGDIKA--  1043
WP_038409211  1216  KNCEA-----ND-GESLA--YIEMHREMFAELLAYISEFAKRYTLAN--DRLEKIN-M  FFE-QN---KKGDIKV--  1274
EFR95520      835   KNCEA-----ND-GESLA--YIEMHREMFAELLAYISEFAKRYTLAN--DRLEKIN-M  FFE-QN---KKGDIKV--  893
WP_003723650  1216  KNCEA-----SD-GKSLK--YIEAHRETFSELLAQVSEFATRYTLAD--ANLSKIN-N  LFE-QN---KEGDIKA--  1274
WP_003727705  1216  KNCEA-----SD-GKSLK--YIEAHRETFSELLAQVSEFATKYTLAD--ANLSKIN-N  LFE-QN---KEGDIKA--  1274
WP_003730785  1216  KNCEA-----SD-GKSLK--YIEAHRETFSELLAQVSEFATKYTTLAD--ANLSKIN-N  LFE-QN---KEGDIKA--  1274
WP_003733029  1216  EKYEA-----ID-GESLA--YIEVHRALFDELLAYISEFARKYTLSN--DRLDEIN-M  LYE-RN---KDGDVKS--  1274
WP_003739838  1216  KNCEA-----SD-GKSLD--YIESNREMFGELLAHVSEFAKRYTLAD--ANLSKIN-Q  LFE-QN---KDNDIKV--  1274
```

【数１８０】

```
WP_014601172  1216  KNCEA-----SD-GKSLK--YIEAHRETFSELLAQVSEFATRYTLAD--ANLSKIN-N   LFE-QN---KEGDIQA--  1274
WP_023548323  1216  EKREA-----ID-GESLA--YIEAHKAVFGELLAHISEFARKYTLAN--DKLDEIN-M   LYE-RN---KDGDVKS--  1274
WP_031665337  1216  KNCEA-----SD-GKSLK--YIEAHRETFSELLAQVSEFATRYTLAD--ANLSKIN-N   LFE-QN---KEGDIKA--  1274
WP_031669209  1216  EKYEA-----ID-GESLA--YIEVHRALFDELLAYISEFARKYTLSN--DRLDEIN-M   LYE-RN---KDGDVKS--  1274
WP_033920898  1216  EKREA-----ID-GESLA--YIEAHKAVFGELLAHISEFARKYTLAN--DKLDEIN-M   LYE-RN---KDGDVKS--  1274
AKI42028      1219  KNCEA-----SD-GKSLK--YIEAHRETFSELLAQVSEFATRYTLAD--ANLSKIN-N   LFE-QN---KEGDIQA--  1277
AKI50529      1219  EKREA-----ID-GESLA--YIEAHKAVFGELLAHISEFARKYTLAN--DKLDEIN-M   LYE-RN---KDGDVKS--  1277
EFR83390      664   KNCEA-----SD-GKSLK--YTEAHRETFSELLAQVSEFATRYTLAD--ANLSKIN-N   LFE-QN---KEGDIKX--  722
WP_046323366  1216  KNCEA-----SD-GKSLA--YIESHREMFAELLDSISEFASRYTLAD--ANLEKIN-T   IFE-QN---KSGDVKV--  1274
AKE81011      1256  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S   AYN-KH---RDKPIREq-  1321
CUO82355      1216  YNAIYKQ-DFDGlDNMLMi-----------QLYLQLIDKLKTLYPIY-mGIVEKFE-K   FVS-----i-----SKEEk-  1272
WP_033162887  1218  YAAMLKK-RYEYlDEEEIf-----------DLYLQLLQKMDTLYPAY-kGTAKRFF-D   FKN-----i-----DVVEk-  1274
AGZ01981      1273  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S   AYN-KH---RDKPIREq-  1338
AKA60242      1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S   AYN-KH---RDKPIREq-  1305
AKS40380      1240  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S   AYN-KH---RDKPIREq-  1305
4UN5_B        1244  SHYEKLKgSPEDnEQKQL--FVEQHKHYLDEIIEQISEFSKRVILAD--ANLDKVL-S   AYN-KH---RDKPIREq-  1309
```

【数１８１】

```
WP_010922251  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_039695303  1309  ISN---SFI  NLLTLTALGAP-ADFNFLG--EKI--PRK--R-YTSTKECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1369
WP_045635197  1307  LAN---SFI  NLLTFTALGAP-AAFKFFG--KDI--DRK--R-YTTVSEIL  NATLIHQSITGLYETWIDLSKL--  1367
5AXW_A        ----------  ----------  ----------  ----------  ----------  ----
WP_009880683  990   -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKCFD--TTI--GRN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1049
WP_010922251  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_011054416  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_011284745  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATFIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_011285506  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_011527619  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-TAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATFIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_012560673  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKCFD--TTI--GRN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_014407541  1305  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1364
WP_020905136  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_023080005  1305  -AK---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--ERN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1364
WP_023610282  1305  -AK---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--ERN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYEIRIDLSQL--  1364
WP_030125963  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--GRN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_030126706  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_031488318  1306  -AE---NII  HLFTLTNFGAP-AAFIYFD--TTI--GRN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_032460140  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--GRN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_032461047  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--GRN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_032462016  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_032462936  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_032464890  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-TAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATFIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_033888930  1131  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1190
WP_038431314  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_038432938  1305  -AK---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--ERN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1364
WP_038434062  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--GRN--R-YKSIKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
BAQ51233      1217  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1276
KGE60162      481   -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  540
KGE60856      244   -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  303
WP_002989955  1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-TAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATFIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
WP_003030002  1282  LAK---SFI  SLLTFTAFGAP-AAFNFFG--ENI--DRK--R-YTSVTECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_003065552  1310  ISN---SFI  NLLTLTALGAP-ADFNFLG--EKI--PRK--R-YTSTKECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKI--  1370
WP_001040076  1307  LAN---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL  NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL--  1367
WP_001040078  1315  LAN---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL  NSTLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1375
WP_001040080  1307  LAN---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL  NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL--  1367
WP_001040081  1307  LAN---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL  NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL--  1367
WP_001040083  1307  LAN---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL  NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL--  1367
WP_001040085  1307  LAN---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL  NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL--  1367
```

【数１８２】

```
WP_001040087 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040088 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040089 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040090 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040091 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040092 1307 LAK---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KSV--DRK--R-YTSTKEVL DSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040094 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040095 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040096 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040097 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040098 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040099 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHKSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040100 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040104 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040105 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040106 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040107 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040108 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040109 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQFITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_001040110 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_015058523 1307 LAK---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KSV--DRK--R-YTSTKEVL DSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_017643650 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_017647151 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_017648376 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_017649527 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_017771611 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_017771984 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
CFQ25032     1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
CFV16040     1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
KLJ37842     1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
KLJ72361     1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
KLL20707     1321 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1381
KLL42645     1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_047207273 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_047209694 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHKSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_050198062 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_050201642 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_050204027 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
WP_050881965 1307 LAN---NII NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KII--DRK--R-YTSTKEVL NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL-- 1367
```

【数１８３】

```
WP_050886065  1307  LAN---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL  NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL--  1367
AHN30376      1307  LAK---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KSV--DRK--R-YTSTKEVL  DSTLIHQSITGLYETRIDLGKL--  1367
EAO78426      1307  LAN---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL  NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL--  1367
CCW42055      1307  LAN---NII  NLFTFTSLGAP-AAFKFFD--KIV--DRK--R-YTSTKEVL  NSTLIHQSITGLYETRIDLGKL--  1367
WP_003041502  1314  ICT---SFL  GLFELTSLGSA-SDFEFLG--VKI--PRY--RdYTPSSLLK  DSTLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1383
WP_037593752  1283  LAK---SFI  SLLTFTAFGAP-AAFNFFG--ENI--DRK--R-YTSVTECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1343
WP_049516684  1283  LAK---SFI  SLLTFTAFGAP-AAFNFFG--ENI--DRK--R-YTSVTECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1343
GAD46167      1282  LAK---SFI  SLLTFTAFGAP-AAFNFFG--ENI--DRK--R-YTSVTECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_018363470  1314  ISD---SFI  NLLTLTALGAP-ADFNFLG--EKI--PRK--R-YNSTKECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1374
WP_003043819  1311  -SN---SFV  SLLKYTSFGAS-GGFTFLD--LDVkqGRL--R-YQTVTEVL  DATLIYQSITGLYETRTDLSQL--  1372
WP_006269658  1282  LAK---SFI  SLLTFTAFGAP-AAFNFFG--ENI--DRK--R-YTSVTECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_048800889  1302  ISN---SFI  HLLTLTALGAP-ADFNFLG--EKI--PRK--R-YTSTKECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1362
WP_012767106  1309  -CS---SVI  NLLTLTASGAP-ADFKFLG--TTI--PRK--R-YGSPQSIL  SSTLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1368
WP_014612333  1309  -CS---SVI  NLLTLTASGAP-ADFKFLG--TTI--PRK--R-YGSPQSIL  SSTLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1368
WP_015017095  1309  -CS---SVI  NLLTLTASGAP-ADFKFLG--TTI--PRK--R-YGSPQSIL  SSTLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1368
WP_015057649  1309  -CS---SVI  NLLTLTASGAP-ADFKFLG--TTI--PRK--R-YGSPQSIL  SSTLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1368
WP_048327215  1309  -CS---SVI  NLLTLTASGAP-ADFKFLG--TTI--PRK--R-YGSPQSIL  SSTLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1368
WP_049519324  1309  -CS---SVI  NLLTLTASGAP-ADFKFLG--TTI--PRK--R-YGSPQSIL  SSTLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1368
WP_012515931  1286  -AE---NII  NVFTFVALGAP-AAFKFFD--ATI--DRK--R-YTSTKEVL  NATLIHQSVTGLYETRIDLSQL--  1345
WP_021320964  1286  -AE---NII  NVFTFVALGAP-AAFKFFD--ATI--DRK--R-YTSTKEVL  NATLIHQSVTGLYETRIDLSQL--  1345
WP_037581760  1286  -AE---NII  NVFTFVALGAP-AAFKFFD--ATI--DRK--R-YTSTKEVL  NATLIHQSVTGLYETRIDLSQL--  1345
WP_004232481  1309  ISSlseSFI  NLLKFTSFGAP-GAFKFLK--LDV--KQSnlR-YKSTTEAL  SATLIHQSVTGLYETRIDLSKL--  1374
WP_009854540  1307  ISN---SFI  NLLTLTALGAP-ADFNFLG--EKI--PRK--R-YTSTKECL  TATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1367
WP_012962174  1308  ISI---SFV  NLLTLTALGAP-ADFNFLG--EKI--PRK--R-YTSTKECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1368
WP_039695303  1309  ISN---SFI  NLLTLTALGAP-ADFNFLG--EKI--PRK--R-YTSTKECL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1369
WP_014334983  1312  ISA---SFI  NLLTLTALGAP-ADFNFLG--EKI--PRK--R-YTSTKECL  SATLIHQSVTGLYETRIDLSKL--  1372
WP_003099269  1306  -AI---NML  NLFTFTDLGAP-SAFKFFN--GDI--DRK--R-YSSTNEII  NSTLIYQSPTGLYETRIDLSKL--  1365
AHY15608      ----  --------  ----------------------------------------  ----------------------  
AHY17476      ----  --------  ----------------------------------------  ----------------------  
ESR09100      138   -AI---NML  NLFTFTDLGAP-SAFKFFNg--DI--DRK--R-YSSTNEII  NSTLIYQSPTGLYETRIDLSKL--  197
AGM98575      ----  --------  ----------------------------------------  ----------------------  
ALF27331      1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--NNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSRL--  1342
WP_018372492  1290  VAR---SFV  -LLNFTNMGAA-TDFKFFG--QII--PRK--R-YPSTTECL  KSTLIHQSVTGLYETRIDLSKL--  1350
WP_045618028  1311  LSE---SFI  SLLKLISFGAP-GTFKFLG--VEI--SQSnvR-YQSVSSCF  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1373
WP_045635197  1307  LAN---SFI  NLLTFTALGAP-AAFKFFG--KDI--DRK--R-YTTVSEIL  NATLIHQSITGLYETWIDLSKL--  1367
WP_002263549  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLNKL--  1342
WP_002263887  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLNKL--  1342
WP_002264920  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002269043  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLNKL--  1342
```

【数１８４】

```
WP_002269448  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002271977  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002272766  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002273241  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002275430  1282  LSS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002276448  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002277050  1288  LAD---GFI  KLLGFTQLGAT-SPFSFLG--IKL--NQK--Q-YTGKKDYL  EATLIHQSITGLYETRIDLNKL--  1352
WP_002277364  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002279025  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002279859  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002280230  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002281696  1282  LSS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002282247  1288  LAD---GFI  KLLGFTQLGAT-SPFSFLG--IKL--NQK--Q-YTGKKDYL  EATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1352
WP_002282906  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002283846  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002287255  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002288990  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002289641  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002290427  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002295753  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002296423  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002304487  1296  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLNKL--  1356
WP_002305844  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002307203  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002310390  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_002352408  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_012997688  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_014677909  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_019312892  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_019313659  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLNKL--  1342
WP_019314093  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_019315370  1282  LSS---SFI  NLLTFTAIGAP-AAFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_019803776  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLNKL--  1342
WP_019805234  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_024783594  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLNKL--  1342
WP_024784288  1288  LAD---GFI  KLLGFTQLGAT-SPFSFLG--IKL--NQK--Q-YTGKKDYL  EATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1352
WP_024784666  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_024784894  1282  LAS---SFI  NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL  NATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1342
WP_024786433  1288  LAD---GFI  KLLGFTQLGAT-SPFSFLG--IKL--NQK--Q-YTGKKDYL  EATLIHQSITGLYETRIDLSKL--  1352
```

【数１８５】

```
WP_049473442 1282 LAS---SFI NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL NATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1342
WP_049474547 1282 LAS---SFI NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL KATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1342
EMC03581     1275 LAS---SFI NLLTFTAIGAP-ATFKFFD--KNI--DRK--R-YTSTTEIL NATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1335
WP_000428612 1310 LAN---SFI NLLTFTALGAP-AAFKFFG--KDV--DRK--R-YTTVSEIL NATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1370
WP_000428613 1308 LAN---SFI NLLTFTALGAP-AAFKFFG--KDI--DRK--R-YTTVSEIL NATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1368
WP_049523028 1303 IAN---SFI NLLTFTAFGAP-AVFKFFG--KDI--ERK--R-YSTVTEIL KATLIHQSLTGLYETRIDLSKL-- 1363
WP_003107102 1275 -AT---NML NLFTFTGLGAP-ATLKFFN--VDI--DRK--R-YTSSTEIL NSTLIRQSITGLYETRIDLSKI-- 1334
WP_054279288 1304 -SI---SFL NLFKFTSFGAP-EKFTFLN--SEIkqDDV--R-YRSTKECL NSTLIHQSVTGLYETRIDLSQF-- 1365
WP_049531101 1311 LSE---SFI SLLKLTSFGAP-GAFRFLG--VEI--SQSnvR-YQSVSSCF NATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1373
WP_049538452 1311 LSE---SFI SLLKLTSFGAP-GAFKFLG--VEI--SQSsvR-YKPNSQFL DATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1373
WP_049549711 1313 LSE---SFI SLLKLTSFGAP-GAFKFLG--AEI--SQSsvR-YKPNSQFL DTTLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1375
WP_007896501 1312 -AL---NML NLFIFTSLGAP-STFVFFD--ETI--DRK--R-YTTSSDVL NGILIQQSITGLYETRIDLSRF-- 1371
EFR44625     1264 -AL---NML NLFIFTSLGAP-STFVFFD--ETI--DRK--R-YTTSSDVL NGILIQQSITGLYETRIDLSRF-- 1323
WP_002897477 1307 LAN---SFI NLLTFTALGAP-AAFKFFG--KDV--DRK--R-YTTVSEIL NATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1367
WP_002906454 1312 LSE---SFI SLLKLTSFGAP-GAFKFLG--VEI--SQSsvR-YKPNSQFL DTTLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1374
WP_009729476 1308 LAN---SFI NLLTFTALGAP-AAFKFFG--KDV--DRK--R-YTTVSEIL NATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1368
CQR24647     1296 LAQ---SFI SLLKFTAFGAP-GGFKFLD--ADI--KQSnlR-YQTVTEVL SSTLIHQSVTGLYETRIDLSKL-- 1358
WP_000066813 1312 LAN---SFI NLLTFTALGAP-AAFKFLG--KDV--DRK--R-YTTVSEIL NATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1372
WP_009754323 1308 LAN---SFI NLLTFTALGAP-AAFKFFG--KDV--DRK--R-YTTVSEIL NATLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1368
WP_044674937 1301 LTS---SFV NLLTFTAIGAP-AAFKFLG--SVI--DRK--R-YTSIAEIL EATLIHQSVTGLYETRIDLSKL-- 1361
WP_044676715 1303 LTS---SFV NLLTFTAIGAP-AAFKFLG--SVI--DRK--R-YTSIAEIL EATLIHQSVTGLYETRIDLSKL-- 1363
WP_044680361 1303 LTS---SFV NLLTFTAIGAP-AAFKFLG--SVI--DRK--R-YTSIAEIL EATLIHQSVTGLYETRIDLSKL-- 1363
WP_044681799 1301 LTS---SFV NLLTFTAIGAP-AAFKFLG--SVI--DRK--R-YTSIAEIL EATLIHQSVTGLYETRIDLSKL-- 1361
WP_049533112 1314 ICT---SFL GLFELTSLGSA-SDFEFLG--VKI--PRY--RdYTPSSLLK DSTLIHQSITGLYETRIDLSKL-- 1383
WP_029090905 1241 -VK----VI ELLKITQANATnGDLKLLK----M-sNREg-R-LGSVSVAL DFKIINQSVTGLYQSIEDYNN--- 1300
WP_006506696 1269 -AN----II QMLIVMHRGPQnGNIVYDDf--KI-sDRIg-R-LKTKNHNL NIVFISQSPTGIYTKKYKL----- 1329
AIT42264     1306 -AE---NII HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL DATLIHQSITGLYETRIDLSQL-- 1365
WP_034440723 1277 LVE---SFI NLLAITKCGPA-ADITFLG--EKI--SRK--R-YRSTNCLW GSEVIFQSPTGLYETRLRLE---- 1335
AKQ21048     1306 -AE---NII HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL DATLIHQSITGLYETRIDLSQL-- 1365
WP_004636532 1272 TVE---SFV NLMTFTAMGAP-ATFKFYG--ESI--TRS--R-YTSITEFR GSTLIFQSITGLYETRYKL----- 1329
WP_002364836 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_016631044 1229 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSPTGLYETRRKV----- 1286
EMS75795     1014 LSQ---SFI NLMQLNAMGAP-ADFKFFD--VII--PRK--R-YPSLTEIW ESTIIYQSITGLRETRTRMATLwd 1076
WP_002373311 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_002378009 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_002407324 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_002413717 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_010775580 1280 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1337
WP_010818269 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
```

【数１８６】

```
WP_010824395 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_016622645 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_033624816 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_033625576 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_033789179 1278 IAA---SFI QLMQFNAMGAP-STFKFFQ--KDI--ERA--R-YTSIKEIF DATIIYQSTTGLYETRRKV----- 1335
WP_002310644 1280 LAS---SFV NLMQFNAMGAP-ADFKFFD--VTI--PRK--R-YTSLTEIW QSTIIHQSITGLYETRIRMGK--- 1339
WP_002312694 1281 LAS---SFV NLMQFNAMGAP-ADFKFFD--VTI--PRK--R-YTSLTEIW QSTIIHQSITGLYETRIRMGK--- 1340
WP_002314015 1281 LAS---SFV NLMQFNAMGAP-ADFKFFD--VTI--PRK--R-YTSLTEIW QSTIIHQSITGLYETRIRMGK--- 1340
WP_002320716 1281 LAS---SFV NLMQFNAMGAP-ADFKFFD--VTI--PRK--R-YTSLTEIW QSTIIHQSITGLYETRIRMGK--- 1340
WP_002330729 1280 LAS---SFV NLMQFNAMGAP-ADFKFFD--VTI--PRK--R-YTSLTEIW QSTIIHQSITGLYETRIRMGK--- 1339
WP_002335161 1281 LAS---SFV NLMQFNAMGAP-ADFKFFD--VTI--PRK--R-YTSLTEIW QSTIIHQSITGLYETRIRMGK--- 1340
WP_002345439 1281 LAS---SFV NLMQFNAMGAP-ADFKFFD--VTI--PRK--R-YTSLTEIW QSTIIHQSITGLYETRIRMGK--- 1340
WP_034867970 1271 IAQ---SFL QLLQFNAIGAP-ADFKFFG--VTI--PRK--R-YTSLTEIW DATIIYQSVTGLYETRIRMGDLwa 1333
WP_047937432 1281 LAS---SFV NLMQFNAMGAP-ADFKFFD--VTI--PRK--R-YTSLTEIW QSTIIHQSITGLYETRIRMGK--- 1340
WP_010720994 1271 IAQ---SFL QLLQFNAIGAP-ADFKFFG--VTI--PRK--R-YTSLTEIW DATIIYQSVTGLYETRIRMGDLwa 1333
WP_010737004 1271 IAQ---SFL QLLQFNAIGAP-ADFKFFG--VTI--PRK--R-YTSLTEIW DATIIYQSVTGLYETRIRMGDLwa 1333
WP_034700478 1271 IAQ---SFL QLLQFNAIGAP-ADFKFFG--VTI--PRK--R-YTSLTEIW DATIIYQSVTGLYETRIRMGDLwa 1333
WP_007209003 1270 IAK---SFI NLLTFTAMGAP-ADFEFFG--EKI--PRK--R-YVSISEII DAVFIHQSITGLYETRVRLTEV-- 1330
WP_023519017 1265 MID---AIL SLLKFTLFGAS-VEFKFFD--IKI---LK--R-YKSLTDIW EATIIYQSVTGLYERRVEVRKLwd 1326
WP_010770040 1275 IAE---SFV NLMKFSAYGAP-MDFKFFG--KTI--PRS--R-YTSVGELL SATIINQSITGLYETRRKL----- 1332
WP_048604708 1271 IAQ---SFV DLMQLNAFGAP-ADFKFFG--ETI--PRK--R-YTSVNELL EATIINQSITGLYETRRRL----- 1328
WP_010750235 1274 MAH---SFV NLMQFNALGAP-ADFKFFD--TTI--TRK--R-YTSLTEIW QSTIIYQSVTGLYETRRRMADLwd 1336
AII16583     1345 -AE---NII HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL DATLIHQSITGLYETRIDLSQL-- 1404
WP_029073316 1283 -CE---VI QMLVVMHAGPQnGNITFDDf--KL-sNRLg-R-LNCKTISL TTVFIADSPTGMYSKKYKL----- 1343
WP_031589969 1284 -CN---II QILATLHCNSSiGKIMYSDf--KI-sTTIg-R-LNGRTISL DISFIAESPTGMYSKKYKL----- 1344
KDA45870     1254 LGK---NFV ELLRYTADGAA-SDFKFFG--ENI--PRK--R-YNSAGSLL NGTLIYQSKTGLYETRIDLGKL-- 1314
WP_039099354 1307 ILDr----V -LIGLHANAAV-SDLGVLKisTPL--GKM--Q---QPSGIS DTQIIYQSPTGLFERRVALRDL-- 1368
AKP02966     1297 INSl-eELI TLLHANSTSAH-LIFNNIE-kKAF--GRK------THGLT DTDFIYQSVTGLYETRIHIE---- 1356
WP_010991369 1275 IAQ---SFV DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--TTI--ERK--R-YNNLKELL NSTIIYQSITGLYESRKRL----- 1332
WP_033838504 1275 IAQ---SFV DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--TTI--ERK--R-YNNLKELL NSTIIYQSITGLYESRKRL----- 1332
EHN60060     1278 IAQ---SFV DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--TTI--ERK--R-YNNLKELL NSTIIYQSITGLYESRKRL----- 1335
EFR89594     1044 IAQ---SFV DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--TTI--ERK--R-YNNLKELL NSTIIYQSITGLYESRKRL----- 1101
WP_038409211 1275 IAK---SFD KLKVFNAFGAP-RDFEFFE--TTI--KRK--R-YYNIKELL NATIIYQSITGLYEARKRL----- 1332
EFR95520      894 IAK---SFD KLKVFNAFGAP-RDFEFFE--TTI--KRK--R-YYNIKELL NATIIYQSITGLYEARKRL----- 951
WP_003723650 1275 IAQ---SFV DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--ATI--DRK--R-YTNLKELL SSTIIYQSITGLYESRKRL----- 1332
WP_003727705 1275 IAQ---SFV DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--ATI--DRK--R-YTNLKELL SSTIIYQSITGLYESRKRL----- 1332
WP_003730785 1275 IAQ---SFV DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--ATI--DRK--R-YTNLKELL SSTIIYQSITGLYESRKRL----- 1332
WP_003733029 1275 IAE---SFV SLKKFNAFGVH-QDFSFFG--TKI--ERK--R-DRKLNELL NSTIIYQSITGLYESRKRL----- 1332
WP_003739838 1275 IAQ---SFV NLMAFNAMGAP-ASFKFFE--ATI--ERK--R-YTNLKELL SATIIYQSITGLYEARKRL----- 1332
```

【数１８７】

```
WP_014601172  1275  IAQ---SFV  DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--ATI--DRK--R-YTNLKELL  SSTIIYQSITGLYESRKRL-----  1332
WP_023548323  1275  IAE---SFV  SLKKFNAFGVH-KDFNFFG--TTI--KRK--R-DRKLKELL  NSTIIYQSITGLYESRKRL-----  1332
WP_031665337  1275  IAQ---SFV  DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--ATI--DRK--R-YTNLKELL  SSTIIYQSITGLYESRKRL-----  1332
WP_031669209  1275  IAE---SFV  SLKKFNAFGVH-QDFSFFG--TKI--ERK--R-DRKLNELL  NSTIIYQSITGLYESRKRL-----  1332
WP_033920898  1275  IAE---SFV  SLKKFNAFGVH-KDFNFFG--TTI--KRK--R-DRKLKELL  NSTIIYQSITGLYESRKRL-----  1332
AKI42028      1278  IAQ---SFV  DLMAFNAMGAP-ASFKFFE--ATI--DRK--R-YTNLKELL  SSTIIYQSITGLYESRKRL-----  1335
AKI50529      1278  IAE---SFV  SLKKFNAFGVH-KDFNFFG--TTI--KRK--R-DRKLKELL  NSTIIYQSITGLYESRKRL-----  1335
EFR83390      723   IAQ---SFV  DLMVFNAMGAP-ASFKFFE--ATI--DRK--R-YTNLKELL  SSTIIYQSITGLYESRKRL-----  780
WP_046323366  1275  IAQ---SFV  NLLEFNAMGAP-ASFKYFE--TNI--ERK--R-YNNLKELL  NATIIYQSITGLYEARKRL-----  1332
AKE81011      1322  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1381
CUO82355      1273  -AN----VI  QMLIIMHKGPQnGNIIYDDf--NV-gKRIg-R-LNGRTFYL  NIEFISQSPTGIYTKKYKL-----  1333
WP_033162887  1275  -CD----VI  QILIIMHAGPMnGNIMYDDf--KF-tNRIg-R-FTHKNIDL  KTTFISTSVTGLFSKKYKL-----  1335
AGZ01981      1339  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1398
AKA60242      1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
AKS40380      1306  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1365
4UN5_B        1310  -AE---NII  HLFTLTNLGAP-AAFKYFD--TTI--DRK--R-YTSTKEVL  DATLIHQSITGLYETRIDLSQL--  1369
```

【数１８８】

WP_010922251	1366	GGD	1368
WP_039695303	1370	GEE	1372
WP_045635197	1368	GED	1370
5AXW_A		---	
WP_009880683	1050	GGD	1052
WP_010922251	1366	GGD	1368
WP_011054416	1366	GGD	1368
WP_011284745	1366	GGD	1368
WP_011285506	1366	GGD	1368
WP_011527619	1366	GGD	1368
WP_012560673	1366	GGD	1368
WP_014407541	1365	GGD	1367
WP_020905136	1366	GGD	1368
WP_023080005	1365	GGD	1367
WP_023610282	1365	GGD	1367
WP_030125963	1366	GGD	1368
WP_030126706	1366	GGD	1368
WP_031488318	1366	GGD	1368
WP_032460140	1366	GGD	1368
WP_032461047	1366	GGD	1368
WP_032462016	1366	GGD	1368
WP_032462936	1366	GGD	1368
WP_032464890	1366	GGD	1368
WP_033888930	1191	GGD	1193
WP_038431314	1366	GGD	1368
WP_038432938	1365	GGD	1367
WP_038434062	1366	GGD	1368
BAQ51233	1277	GGD	1279
KGE60162	541	GGD	543
KGE60856	304	GGD	306
WP_002989955	1366	GGD	1368
WP_003030002	1343	GED	1345
WP_003065552	1371	GEE	1373
WP_001040076	1368	GED	1370
WP_001040078	1376	GED	1378
WP_001040080	1368	GED	1370
WP_001040081	1368	GED	1370
WP_001040083	1368	GED	1370
WP_001040085	1368	GED	1370

【数１８９】

WP_001040087	1368	GED	1370
WP_001040088	1368	GGD	1370
WP_001040089	1368	GED	1370
WP_001040090	1368	GED	1370
WP_001040091	1368	GED	1370
WP_001040092	1368	GED	1370
WP_001040094	1368	GED	1370
WP_001040095	1368	GEG	1370
WP_001040096	1368	GEG	1370
WP_001040097	1368	GED	1370
WP_001040098	1368	GED	1370
WP_001040099	1368	GED	1370
WP_001040100	1368	GED	1370
WP_001040104	1368	GED	1370
WP_001040105	1368	GED	1370
WP_001040106	1368	GED	1370
WP_001040107	1368	GED	1370
WP_001040108	1368	GED	1370
WP_001040109	1368	GED	1370
WP_001040110	1368	GED	1370
WP_015058523	1368	GED	1370
WP_017643650	1368	GED	1370
WP_017647151	1368	GED	1370
WP_017648376	1368	GED	1370
WP_017649527	1368	GED	1370
WP_017771611	1368	GED	1370
WP_017771984	1368	GED	1370
CFQ25032	1368	GED	1370
CFV16040	1368	GED	1370
KLJ37842	1368	GED	1370
KLJ72361	1368	GGD	1370
KLL20707	1382	GED	1384
KLL42645	1368	GED	1370
WP_047207273	1368	GED	1370
WP_047209694	1368	GED	1370
WP_050198062	1368	GED	1370
WP_050201642	1368	GED	1370
WP_050204027	1368	GED	1370
WP_050881965	1368	GED	1370

【数１９０】

WP_050886065	1368	GED	1370	
AHN30376	1368	GED	1370	
EAO78426	1368	GED	1370	
CCW42055	1368	GED	1370	
WP_003041502	1384	GED	1386	
WP_037593752	1344	GED	1346	
WP_049516684	1344	GED	1346	
GAD46167	1343	GED	1345	
WP_018363470	1375	GEE	1377	
WP_003043819	1373	GGD	1375	
WP_006269658	1343	GED	1345	
WP_048800889	1363	GED	1365	
WP_012767106	1369	GGD	1371	
WP_014612333	1369	GGD	1371	
WP_015017095	1369	GGD	1371	
WP_015057649	1369	GGD	1371	
WP_048327215	1369	GGD	1371	
WP_049519324	1369	GGD	1371	
WP_012515931	1346	GEN	1348	
WP_021320964	1346	GEN	1348	
WP_037581760	1346	GEN	1348	
WP_004232481	1375	GEE	1377	
WP_009854540	1368	GEE	1370	
WP_012962174	1369	GEE	1371	
WP_039695303	1370	GEE	1372	
WP_014334983	1373	GEE	1375	
WP_003099269	1366	GGK	1368	
AHY15608		---		
AHY17476		---		
ESR09100	198	GGK	200	
AGM98575		---		
ALF27331	1343	GGD	1345	
WP_018372492	1351	GEN	1353	
WP_045618028	1374	GED	1376	
WP_045635197	1368	GED	1370	
WP_002263549	1343	GGD	1345	
WP_002263887	1343	GGD	1345	
WP_002264920	1343	GGD	1345	
WP_002269043	1343	GGD	1345	

【数１９１】

WP_002269448	1343	GGD	1345	
WP_002271977	1343	GGD	1345	
WP_002272766	1343	GGD	1345	
WP_002273241	1343	GGD	1345	
WP_002275430	1343	GGD	1345	
WP_002276448	1343	GGD	1345	
WP_002277050	1353	GGD	1355	
WP_002277364	1343	GGD	1345	
WP_002279025	1343	GGD	1345	
WP_002279859	1343	GGD	1345	
WP_002280230	1343	GGD	1345	
WP_002281696	1343	GGD	1345	
WP_002282247	1353	GGD	1355	
WP_002282906	1343	GGD	1345	
WP_002283846	1343	GGD	1345	
WP_002287255	1343	GGD	1345	
WP_002288990	1343	GGD	1345	
WP_002289641	1343	GGD	1345	
WP_002290427	1343	GGD	1345	
WP_002295753	1343	GGD	1345	
WP_002296423	1343	GGD	1345	
WP_002304487	1357	GGD	1359	
WP_002305844	1343	GGD	1345	
WP_002307203	1343	GGD	1345	
WP_002310390	1343	GGD	1345	
WP_002352408	1343	GGD	1345	
WP_012997688	1343	GGD	1345	
WP_014677909	1343	GGD	1345	
WP_019312892	1343	GGD	1345	
WP_019313659	1343	GGD	1345	
WP_019314093	1343	GGD	1345	
WP_019315370	1343	GGD	1345	
WP_019803776	1343	GGD	1345	
WP_019805234	1343	GGD	1345	
WP_024783594	1343	GGD	1345	
WP_024784288	1353	GGD	1355	
WP_024784666	1343	GGD	1345	
WP_024784894	1343	GGD	1345	
WP_024786433	1353	GGD	1355	

【数１９２】

| | | |

```
WP_014601172  1333  -DD  1334
WP_023548323  1333  -DS  1334
WP_031665337  1333  -DD  1334
WP_031669209  1333  -DN  1334
WP_033920898  1333  -DS  1334
AKI42028      1336  -DD  1337
AKI50529      1336  -DS  1337
EFR83390       781  -DD   782
WP_046323366  1333  -DD  1334
AKE81011      1382  GGD  1400
CUO82355           ---
WP_033162887       ---
AGZ01981      1399  GGD  1417
AKA60242      1366  GGD  1368
AKS40380      1366  GGD  1376
4UN5_B        1370  GGD  1372
```

【０２５３】

配列番号９の残基１０、１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、８４０、１２１９および／または１３２９に相同なアミノ酸残基が同定できるさらなる好適なＣａｓ９配列は、当業者に公知である。例えば、Supplementary Table S2 and Supplementary Figure S2 of Fonfara et al.,Phylogeny of Cas9 determines functional exchangeability of dual-RNA and Cas9 among orthologous type II CRISPR-Cas systems,Nucl. Acids Res. 2013, doi: 10.1093/nar/gktl074を参照（全開示内容を参照により本明細書に組み込まれる）。本明細書に示すか、または従来技術において公知の配列を有するＣａｓ９変異体であって、例えば配列番号９のアミノ酸残基１０、１２２、１３７、１８２、２６２、２９４、４０９、４８０、５４３、６６０、６９４、８４０、１２１９および／または１３２９に相同な１以上のアミノ酸残基の１以上の変異（例えば本明細書において示される少なくとも１、少なくとも２、少なくとも３、少なくとも４、少なくとも５、少なくとも６または少なくとも７つの変異）を含むＣａｓ９変異体は、例えばＡ２６２Ｔ、Ｋ２９４Ｒ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４Ｉおよび／またはＥ１２１９Ｖ変異を含むＣａｓ９変異体として、本発明の開示により提供される。

【０２５４】

例４：広いＰＡＭ特異性を有するＣａｓ９の進化

ＰＡＣＥを用い、ＮＮＮ ＰＡＭライブラリーに対するS. pyogenesのＣａｓ９の進化によって、多くの非古典的ＰＡＭに対して高い活性を有する、ＰＡＭ特異性が拡張された進化型Ｃａｓ９ｓが得られた。かかるＣａｓ９は未だ、その天然のＤＮＡ結合および切断活性を保持し、現在用いられているあらゆるツールによる利用が可能である。Ｃａｓ９のＤＮＡとの相互作用を調節することによって、Ｃａｓ９のＰＡＭ特異性を改良および拡張することができると仮定される。Staphylococcus aureusなどの他のＣａｓ９ｓの設計を行い、かかる方法に従い、それらのＰＡＭ特異性を改変および拡張することができる。例えば、Ｃａｓ９蛋白質の標的特異的変異導入、ＤＮＡ結合性蛋白質との融合、各々連結された複数のＣａｓ９蛋白質の使用などの、ＤＮＡ結合性の調節方法を用いることにより、標的とすることができるＰＡＭを拡張することも可能となる。

【０２５５】

Ｃａｓ９の進化

変異導入プラスミド（ＭＰ）によるファージの終夜増殖を用いた進化の後、ＰＡＣＥ変

異による上記の変異を有するファージを用いた。２４個のファージを、ＰＡＣＥのランから配列決定した。Ｃａｓ９遺伝子に存在した変異を、下記の表３に示す。これらの変異を含むＣａｓ９遺伝子をファージからクローニングアウトし、プラスミドにクローニングし、ＤＮＡ結合および切断活性を試験した。

表３：Ｃａｓ９変異

【表３】

pJH306 (WT dCas9-VPR)											
pJH407 (WT Cas9)											
pJH562 (dCas9-VPR)						E480K	E543D		E1219V		
pJH599 (dCas9-VPR)	A262T				S409I	E480K	E543D	M694I	E1219V		
pJH600 (dCas9-VPR)			K294R			E480K	E543D		E1219V	Q1256K	L1362P
pJH601 (dCas9-VPR)	A262T				S409I	E480K	E543D	M694I	E1219V		
pJH602 (dCas9-VPR)			K294R			E480K	E543D		E1219V	Q1256K	
pJH603 (dCas9-VPR)	A262T				S409I	E480K	E543D	M694I	E1219V		
pJH604 (dCas9-VPR)		S267G	K294R			E480K	E543D		E1219V	N1224K	Q1256K
pJH605 (dCas9-VPR)	A262T			F405I	S409I	E480K	E543D	M694I	E1219V		
pJH760 （pJH599 マイナスVPR、ヌクレアーゼ陽性）	A262T				S409I	E480K	E543D	M694I	E1219V		

【０２５６】

ヒト培養細胞におけるＧＦＰ活性化

ｄＣａｓ９－ＶＰＲにより活性化するＧＦＰレポーターを有するレポーターに対する試験を実施した。試験は、最初に５’－ＮＧＧ－３’ ＰＡＭ（図４Ａおよび４Ｂ）に対して実施し、次に、全て同じＣａｓ９標的部位を含むが、ＰＡＭ位置にＮＮＮを有するＧＦＰレポーターのライブラリー（図５Ａおよび５Ｂ）を用いて実施した。この試験において、ｄＣａｓ９－ＶＰＲは、ＧＦＰシグナルを活性化させることが解った。変異のない野生型Ｃａｓ９（ｐＪＨ３０６）、終夜増殖により進化したＣａｓ９（ｐＪＨ５６２）およびＰＡＣＥにより進化したＣａｓ９（ｐＪＨ５９９－ｐＪＨ６０５）の全てを試験した。各Ｃａｓ９変異について、上記の表３に示す。

【０２５７】

全６４のＰＡＭ配列に対するｄＣａｓ９－ＶＰＲ

ｐＪＨ３０６（野生型ｄＣａｓ９－ＶＰＲ）およびｐＪＨ５９９（変異Ａ２６２Ｔ、Ｓ４０９Ｉ、Ｅ４８０Ｋ、Ｅ５４３Ｄ、Ｍ６９４ＩおよびＥ１２１９Ｖを有する野生型ｄＣａｓ９－ＶＰＲ）を用い、全６４のＰＡＭ配列に対する試験を行った（図６）。ｄＣａｓ

９－ＶＰＲを用い、上記の通りにＧＦＰを活性化し、異なるレポータープラスミドを各ウェルに用い、全６４の異なるＰＡＭ配列に対する活性化効率を確認した。平均ＧＦＰ蛍光を全てのトランスフェクション細胞について測定した（ｉＲＦＰシグナルによってゲート）。ｐＪＨ５９９は、ｐＪＨ３０６と比較し、全てのＰＡＭ配列について、同程度～高い活性化レベルを示した。

【０２５８】

インビトロ切断アッセイ

発現および精製された野生型Ｃａｓ９（ＷＴ）およびＥ１２１９Ｖ変異（１）を有するＣａｓ９の、異なるＰＡＭを有するＤＮＡを切断する能力を試験した（図７）。標的部位を含有するｄｓＤＮＡと共にＣａｓ９をインキュベートした。ＤＮＡをゲル電気泳動させ、未切断物の量を切断生成物の量と比較することにより、切断能力を測定した（サイズが小さいため、急速に泳動させた）。Ｅ１２１９Ｖ変異は、非古典的ＰＡＭに対するＣａｓ９の切断活性を増加させる一方で、５’－ＮＧＧ－３’ ＰＡＭに対する活性を維持することが解った。

【０２５９】

様々な系の進化

S. pyogenesのＣａｓ９の進化に加え、他のＣａｓ９系（例えばS. aureus、S. thermophilus、N. meningitidisおよびT. denticolaなど）を進化させ、それらのＰＡＭ特異性を改良および拡張させることができる。データより、S. pyogenesのＣａｓ９進化で用いたのと同様の系を用いて、ファージを含むS. aureusのＣａｓ９を進化させ、そのＰＡＭ特異性を拡張できることが示される。

【０２６０】

ＰＡＭ特異性の調節

中性および負荷電アミノ酸を正荷電アミノ酸に変異させることによって、標的とすることができるＰＡＭが拡張されるようにＣａｓ９を改変できる。一般的に、正電荷を増加させる変異をＣａｓ９蛋白質に導入することにより、Ｃａｓ９のＤＮＡ結合親和性が向上する。本発明で提供されるＣａｓ９変異との組合せにおいて、S. pyogenesのＣａｓ９におけるＰＡＭターゲティング能力を向上させるために変異を導入できるさらなる残基としては、ＰＡＭ特異性を改変するものとして同定されたもの（Ｄ１１３５、Ｇ１２１８、Ｒ１３３３、Ｒ１３３５、Ｔ１３３７）（３８）およびＣａｓ９活性を向上させることができる残基（Ｓ８４５およびＬ８４７）が挙げられる（３７）。Ｃａｓ９の特異性を向上させる残基（例えばこれまで確認されたアルギニン、ヒスチジンおよびリジンのアラニンへの変異（３７）、およびこれまで確認されたアスパラギン、アルギニンおよびグルタミンのアラニンへの変異（３９））は、これらの変異がおそらくＣａｓ９とＤＮＡとの間の相互作用を低下させるため、非古典的ＰＡＭに対する許容度を低下させるものである。

【０２６１】

ＰＡＭ特異性の調節のための融合

プログラム可能ＤＮＡ結合性蛋白質（例えばＺｎフィンガードメイン、ＴＡＬＥｓおよび他のＣａｓ９蛋白質）をＣａｓ９に融合させることにより、古典的または非古典的ＰＡＭを有するヌクレオチド配列へのターゲッティング能力を向上（例えば活性、特異性または効率を向上）させることが可能となる。ヌクレアーゼ欠失（ｎｕｌｌ）ｄＣａｓ９を、ヌクレアーゼ活性Ｃａｓ９と融合させ、ヌクレアーゼ活性Ｃａｓ９の様々なＰＡＭ配列を標的とする能力を向上させることが可能となる。ヌクレアーゼ活性Ｃａｓ９に融合させるヌクレアーゼ欠失ｄＣａｓ９の一例を図８に示す。かかる融合は、古典的または非古典的ＰＡＭを有するヌクレオチド配列へのターゲッティング能力を向上させるのに有用でありうる。Ｃａｓ９ｓは、同じ種、または異なる種に由来してもよい。さらに、両方のＣａｓ９がヌクレアーゼ欠失ｄＣａｓ９であってもよく、ＶＰ６４、ＶＰ６４－ｐ６５－Ｒｔａ、ＦｏｋＩ、ＧＦＰおよび他の蛍光蛋白質、デアミナーゼまたは本発明で提供されるいずれかのエフェクター蛋白質などの、エフェクター蛋白質とさらに融合させてもよい。

【０２６２】

Ｃａｓ９を用いた、他のヌクレアーゼおよび他のＤＮＡ結合蛋白質の局在化

Ｃａｓ９を用いることで、それらのＤＮＡ標的に対する局在化を通じて、他の蛋白質の天然の結合特異性を超克することが可能となる。ＤＮＡヌクレアーゼ、リコンビナーゼ、デアミナーゼおよび他のエフェクターは通常、固有のＤＮＡ特異性を有する。Ｃａｓ９をこれらの蛋白質に融合させることにより、それらの天然のＤＮＡ特異性を超克および拡張することが可能となる。ｇＲＮＡｓは、ＤＮＡエフェクターの標的部位に隣接する部位にＣａｓ９をターゲッティングし、それらの標的部位へのそれらの局在化を補助する。

【０２６３】

ＮＮＮＮＮ ＰＡＭライブラリーに対するｄＣａｓ９－ＶＰＲ

進化型Ｃａｓ９ｓが第４および第５のＰＡＭ部位への特異性を有するか否かを試験するため、ＮＮＮＮＮ ＰＡＭライブラリーに対しｄＣａｓ９－ＶＰＲを試験した。ＮＮＮライブラリーに見られたように、大部分の構築物（例えばｐＪＨ５６２、ｐＪ５５９、ｐＪＨ６００、ｐＪＨ６０１、ｐＪＨ６０２、ｐＪＨ６０３およびｐＪＨ６０５）は活性が向上していた。ｐＪＨ５９９は、ＧＦＰ活性化（図９Ａ）を示した細胞のパーセンテージの増加、およびＧＦＰ活性化（図９Ｂ）を示した細胞の平均蛍光の増加、を一貫して示した。

【０２６４】

Ｃａｓ９によるＧＦＰの切断

野生型Ｃａｓ９（ｐＪＨ４０７）を、ヌクレアーゼ陽性進化型Ｃａｓ９（ｐＪＨ７６０、図１０）と比較した。ｐＪＨ７６０は、ｐＪＨ５９９と同じ変異を含むが、ヌクレアーゼ不活性化変異Ｄ１０ＡおよびＨ４８０Ａを含まず、またＶＰＲと融合していない。ゲノム中にインテグレートされたＧＦＰ遺伝子をＣａｓ９で切断し、細胞のＧＦＰシグナルの損失を指標に活性を測定した。５’－ＮＧＧ－３’ ＰＡＭを有する部位に対し、ｐＪＨ４０７およびｐＪＨ７６０は良好な活性を示した。ＧＡＴ ＰＡＭを有する部位に対し、ｐＪＨ７６０は、ｐＪＨ４０７と比較し活性の顕著な向上を示した。

【０２６５】

例５：Ｃａｓ９：ＤＮＡ編集酵素融合蛋白質

本発明の開示はさらに、ＤＮＡの塩基配列の標的特異的編集のためのＤＮＡ編集酵素と融合させたＣａｓ９の提供に関する。図１１は、ＤＮＡ編集酵素－ｄＣａｓ９：ｓｇＲＮＡ複合体に結合した二本鎖ＤＮＡ基質を例示する。図示するＤＮＡ編集酵素は、デアミナーゼである。図１１の構造を、それらの配列において同定する（３６ｂｐ：下線、ｓｇＲＮＡ標的配列：太字、ＰＡＭ：囲い文字、２１ｂｐ：斜字体）。

【０２６６】

例６：ＰＡＭ減少アッセイ

ＰＡＭ配列をコードし、抗生物質耐性遺伝子を含むプラスミドを有する大腸菌ライブラリーを得た。Ｃａｓ９がプラスミド上のＰＡＭ配列を切断できる場合、プラスミドは複製されずに失われ、切断されないプラスミドのみが集団として残存できる。初期のプラスミド集団および最終的なプラスミド集団のシークエンシングを行うハイスループットシークエンシングにより、Ｃａｓ９によって切断されたプラスミドを測定できる。全リード数でＰＡＭ配列を含むリード数を除算することにより、各ＰＡＭ配列からなるライブラリーの比率を得た。次に、選抜後ＰＡＭ配列を含むライブラリーの比率で、選抜前のＰＡＭセクションを含むライブラリーの比率を除算することにより、減少スコアを算出した。高い減少スコアは、Ｃａｓ９による特定のＰＡＭ配列の切断活性が高いことを示す。ＰＡＭ減少アッセイの結果を図１２に示す。

【０２６７】

野生型Ｃａｓ９で切断されなかった多くのＰＡＭ配列は、進化型Ｃａｓ９（ｘＣａｓ９ｖ１．０、ｐＪＨ７６０）で切断された。特に、ＮＧＮおよびＮＮＧ、ならびにＧＡＡおよびＧＡＴの全てのＰＡＭ配列は、ｘＣａｓ９に対して１０倍超の減少を示した。第２または第３のＰＡＭ位置の唯一のＧは、新規に進化したＣａｓ９による切断に充分でありえ、Ｃａｓ９を使用して標的とできる標的部位の配列スペースを顕著に開けるものである。ＰＡＭ減少スコアを表４に示す。

表４．ＰＡＭ減少スコア
【表４－１】

PAM 配列	野生型Cas9	xCas9 v1.0
TCG	0.96	32.75
CAG	12.63	32.01
GCG	1.38	31.14
ACG	1.12	30.15
TGG	18.99	30.13
TGT	1.01	28.37
GGC	11.78	28.17
AGA	1.25	27.80
GAG	19.47	27.71
GGT	12.22	27.59
CGA	1.27	27.53
CGT	0.97	27.30

【表４－２】

TGA	1.72	27.02
GGA	16.03	26.90
AGG	17.80	26.19
TAG	9.54	25.98
CGC	1.76	25.88
AGT	0.97	24.88
CGG	19.03	24.77
AAG	15.40	24.16
GTG	3.76	23.71
ATG	1.26	23.48
GGG	17.59	23.01
TGC	1.71	23.00
TTG	0.98	22.15
GAA	1.04	20.96
AGC	1.43	16.85
GAT	1.02	16.09
CTG	1.29	13.88
CCG	1.02	11.86
CAT	0.99	5.75
CAA	1.00	5.28
GAC	0.98	3.96
TAA	0.97	1.90
AAA	1.02	1.81
TAT	0.95	1.56
CAC	1.01	1.48
GTA	0.94	1.42
AAT	0.98	1.39
GCA	0.98	1.22
ACA	0.95	1.13
AAC	1.08	1.09
TAC	0.92	0.95
ATA	1.04	0.94
GTC	0.99	0.92
GCT	0.99	0.87
TCA	0.94	0.84

【表４－３】

CTA	0.95	0.83
GCC	0.99	0.82
GTT	0.97	0.81
TCC	0.98	0.80
ACC	0.96	0.80
CTC	0.92	0.80
CCA	0.97	0.79
CCC	0.95	0.79
CTT	0.96	0.79
ATC	0.96	0.78
CCT	0.94	0.78
ATT	0.93	0.77
ACT	0.89	0.77
TTT	0.94	0.77
TCT	0.95	0.77
TTC	0.96	0.76
TTA	0.94	0.76

【０２６８】

例７：ＧＦＰ切断哺乳動物細胞

ゲノムにインテグレートされたＧＦＰ遺伝子を含む哺乳動物細胞に、野生型または進化型Ｃａｓ９およびｇＲＮＡｓをトランスフェクションした。異なるｇＲＮＡは異なるＰＡＭ配列を有する異なる部位を標的とし、Ｃａｓ９によるＧＦＰのカットは、ＧＦＰシグナルの喪失をもたらす。ＧＦＰシグナルは、５日後にフローサイトメトリにより定量化した。図１３に示すように、進化型Ｃａｓ９は、哺乳動物細胞においてＧＦＰを切断し、これはＧＦＰ活性化アッセイ、およびＰＡＭ減少アッセイの結果と整合する。切断された部位の周辺のハイスループットシークエンシングは、フローサイトメトリによって観察された結果を確認するものであり、フローサイトメトリによって観察された切断のパーセンテージと整合していた。

【０２６９】

例８：ＨＨＨライブラリーのさらなる進化

ＳｐＣａｓ９が第２および第３の塩基におけるＧ残基への選択性を有するため、ＨＨＨ（Ｈ＝Ａ、ＣまたはＴ）ＰＡＭライブラリーに対する最終の進化からのエンドポイントを用いて、進化を継続させた。進化の後、１３のコロニーをシークエンシングし、多くの新規な変異が同定された。３つの変異、Ｅ１２１９Ｖ、Ｅ４８０ＫおよびＥ５４３Ｄ変異が全てのクローンに存在した。Ｓ２６７Ｇ／Ｋ２９４Ｒ／Ｑ１２５６Ｋ変異を有するか、ま

たはＡ２６２Ｔ／Ｓ４０９Ｉ変異を有する多くのクローンは存在したが、それらの変異が共存することは決してなく、これは、進化的ランドスケープに沿って、クローンが、２つの分化経路を採ったことを示唆するものである。新規な変異を表５に示す。

表５．新規な変異

【表５－１】

HHH #1 (xCas9 2.0)	HHH #2 (xCas9 2.1)	HHH #3 (xCas9 2.2)	HHH #4 (xCas9 2.3)	HHH #5 (xCas9 2.4)	HHH #6 (xCas9 2.5)	HHH #7 (xCas9 2.6)	HHH #8 (xCas9 2.7)	HHH #9 (xCas9 2.8)	HHH #10 (xCas9 2.9)	HHH #11 (xCas9 2.10)	HHH #12 (xCas9 2.11)	HHH #13 (xCas9 2.12)
		D23N										
		E108G										
R115H												
K141Q												
									D180N			
								P230S				P230S
			D257N									
		A262T				A262T				A262T		
S267G	S267G		S267G		S267G			S267G			S267G	S267G
									D284N			
K294R	K294R		K294R		K294R		K294R	K294R			K294R	K294R
						R324L						
Q394H												
		S409I		S409I		S409I				S409I		
				L455F								
			T466A									
									T474I			
E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K
E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D
									K554R			
				R654L								
		M694I				M694I				M694I		
							A711E					
		L727P										
									M763I			
			I1063V									
				V1100I								
E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V	E1219 V
									K1244 N			
Q1256 K	Q1256 K		Q1256 K		Q1256 K		Q1256 K	Q1256 K			Q1256 K	Q1256 K
		K1289 Q										

【表５－２】

				A1323 S								

【０２７０】
例９：遺伝子編集のためのさらに進化したＣａｓ９蛋白質
ｐＪＨ７６０（例６に記載）を用い、多くの新しい標的に対するＰＡＭ減少アッセイにおいて試験した。４つの新しい標的を選択した：ｒｅ２：GGGGCCACTAGGGACAGGAT（配列番号３１４）、哺乳動物細胞のＧＦＰ活性化に従来用いられた合成標的。ＶＥＧＦ：GGGTGGGGGGAGTTTGCTCC（配列番号３１５）、ＶＥＧＦ遺伝子中の標的。ＣＬＴＡ：GCAGATGTAGTGTTTCCACA（配列番号３１６）、ＣＬＴＡ遺伝子中の標的。およびＣＣＲ５Ｄ：TCACTATGCTGCCGCCCAGT（配列番号３１７）、ＣＣＲ５Ｄ遺伝子中の標的。ＰＡＭ減少アッセイの結果を、図１４～１７に示す。ＰＡＭ減少は、古典的ＮＧＧ配列に加え、大部分のＮＧＮおよびいくつかのＮＮＧ配列に対する切断も示すことがわかった。

【０２７１】
ＨＨＨ（Ｈ＝Ａ、ＣまたはＴ）ＰＡＭライブラリーに対する最後の進化からのエンドポイントを使用して、ＨＨＨ ＰＡＭライブラリーをさらに進化させた。進化の後、１３のコロニーをシークエンシングし、多くの新規な変異が同定された。３つの変異、Ｅ１２１９Ｖ、Ｅ４８０ＫおよびＥ５４３Ｄ変異が全てのクローンに存在した。Ｋ２９４Ｒ／Ｑ１２５６Ｋ変異を有するか、またはＡ２６２Ｔ／Ｓ４０９Ｉ変異を有する多くのクローンは存在したが、それらの変異が共存することは決してなく、これは、進化的ランドスケープに沿って、クローンが、２つの分化経路を採ったことを示唆するものである。新規な変異を下記の表８および９に示す。

【０２７２】
予想されたように、標的の相違による活性の変動が観察された。ＰＡＭ減少アッセイスコアを表１０に示す。ＮＧＮは、いくつかの標的と共に切断活性を一貫して示した。特に最大の活性を有した変異体であるｘＣａｓ９ ３．ｘ変異体において変動が観察された。特に、ｘＣａｓ９ ３．３はＫ２９４Ｒ／Ｑ１２５６Ｋの変異シリーズを含み、一方、その他の３つの変異体（３．６、３．７および３．８）はＡ２６２Ｔ／Ｓ４０９Ｉの変異シリーズを含んだ。ｘＣａｓ９ ３．６および３．７は、３．８を上回った。大部分のケースでは３．３が最も高い活性を有するようであったが、３．６および３．７は特定のＰＡＭ配列に対しては良好に機能した。上記の３つの新しい標的に対するＰＡＭ減少アッセイの結果を図１８～２０に示す。

【０２７３】
ＮＮＮＮＮ ＰＡＭ減少ライブラリーを構築した。アッセイを行い、第４または第５の塩基への特異性を試験した。ＰＡＭ減少アッセイの最初の結果は、予想通り、第４および第５の塩基に対する選択性はないことを示すものであった。

【０２７４】
要約すると、Ｅ１２１９Ｖが、進化において確立された最も初期の変異の１つであることが解った。それは結晶構造中ではＰＡＭ配列の付近にある。Ｅ４８０ＫおよびＥ５４３Ｄもまた、進化の初期から得た全クローンで観察され、重要であると考えられる。Ｋ２９４Ｒ／Ｑ１２５６ＫおよびＡ２６２Ｔ／Ｓ４０９Ｉは、２つの分化経路であると考えられ、重要であると考えられる。それらのＰＡＭ配列プロファイルはわずかに異なるようであり、それはＰＡＭ活性の決定に関連してそれらの重要性を意味するものである。
表６．ＴからＣへの変化を含有する疾患／障害。表は、シトシン（Ｃ）をチミン（Ｔ）へ変化させることによって修正されてもよいヒト遺伝子変異を含む。遺伝子名、遺伝子記号、およびGene IDが表示される。

【表６－１】

配列番号	名称	Gene ID	遺伝子記号	隣接配列(Flanks)
674	NM_000410.3(HFE):c.314T>C (p.Ile105Thr)	3077	HFE	['ATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTAYTATGG AAAATCACAACCACAGCAAG']
675	NM_144631.5(ZNF513):c.1015T >C (p.Cys339Arg)	130557	ZNF513	['GCTGGGAGCTGCCATGTGTGGGCGCYGCAT GCGAGGAGAGGCTGGAGGGGG']
676	NM_001199107.1(TBC1D24):c. 751T>C (p.Phe251Leu)	57465	TBC1D24	['CGTGGCGCTGGCCATCCTCAAGTTCYTCCAC AAGGTGAGGGCCGGGCAGCC']
677	NM_001708.2(OPN1SW):c.640T >C (p.Ser214Pro)	611	OPN1SW	['CATCTTCTGCTTCATTGTGCCTCTCBCCCTCA TCTGCTTCTCCTACACTCA']
678	NM_000235.3(LIPA):c.599T>C (p.Leu200Pro)	3988	LIPA	['AAAAGGATTAAAATGTTTTTTGCCCYGGGTC CTGTGGCTTCCGTCGCCTTC']
679	NM_000071.2(CBS):c.833T>C (p.Ile278Thr)	875	CBS	['CTGAAGCCGCGCCCTCTGCAGATCAYTGGG GTGGATCCCGAAGGGTCCATC']
680	NM_000071.2(CBS):c.1616T>C (p.Leu539Ser)	875	CBS	['TTCGGGGTGGTCACCGCCATTGACTYGCTGA ACTTCGTGGCCGCCCAGGAG']
681	NM_033409.3(SLC52A3):c.670 T>C (p.Phe224Leu)	113278	SLC52A3	['CGCCCACTTCTCACCCCTGGTCTTCYTCCTCC TCCTATCCATCATGATGGC']
682	NM_033409.3(SLC52A3):c.1238 T>C (p.Val413Ala)	113278	SLC52A3	['CTTTTCAGCGGCTGCCTCAGTTACGYCAAGG TGATGCTGGGCGTGGTCCTG']
683	NM_000274.3(OAT):c.163T>C (p.Tyr55His)	4942	OAT	['GGAATATAAGTATGGTGCACACAACYACCA TCCTTTACCTGTAGCCCTGGA']
684	NM_000274.3(OAT):c.1205T>C (p.Leu402Pro)	4942	OAT	['TGTCTACGACTTCGAGATAATGGACYTCTGG CCAAGCCAACCCATGGCGAC']
685	NM_000274.3(OAT):c.1180T>C (p.Cys394Arg)	4942	OAT	['TTTAGATTGGGATGCTTGGAAGGTGYGTCTA CGACTTCGAGATAATGGACT']
686	NM_001385.2(DPYS):c.1078T> C (p.Trp360Arg)	1807	DPYS	['TGTTGAAGATCGGATGTCCGTAATAYGGGA AAAAGGCGTGGTGGGTTTCAC']
687	NM_000027.3(AGA):c.916T>C (p.Cys306Arg)	175	AGA	['TCCAGAATTCTTTGGGGCTGTTATAYGTGCC AATGTGACTGGAAGTTACGG']
688	NM_000027.3(AGA):c.214T>C	175	AGA	['GTGTGAGAGAGAGCAGTGTGACGGCYCTGT

【表６－２】

	(p.Ser72Pro)			AGGCTTTGGAGGAAGTCCTGA']
689	NM_000398.6(CYB5R3):c.382T>C (p.Ser128Pro)	1727	CYB5R3	['CAAGTTTCCCGCTGGAGGGAAGATGYCTCAGTACCTGGAGAGCATGCAGAT']
690	NM_000398.6(CYB5R3):c.446T>C (p.Leu149Pro)	1727	CYB5R3	['GAGTTCCGGGGCCCCAGTGGGCTGCYGGTCTACCAGGGCAAAGGTGATTCG']
691	NM_000398.6(CYB5R3):c.610T>C (p.Cys204Arg)	1727	CYB5R3	['GAAGGACCCTGATGACCACACTGTGYGCCACCTGCTCTTTGCCAACCAGGT']
692	NM_000398.6(CYB5R3):c.218T>C (p.Leu73Pro)	1727	CYB5R3	['CCGTCACCCCAGCACATCCTGGGCCYCCCTGTCGGTGAGTCACGCCCCTGC']
693	NM_000552.3(VWF):c.4883T>C (p.Ile1628Thr)	7450	VWF	['CCTGGAGACATCCAGGTGGTGCCCAYTGGAGTGGGCCCTAATGCCAACGTG']
694	NM_000552.3(VWF):c.4837T>C (p.Ser1613Pro)	7450	VWF	['CTACATGGTCACCGGAAATCCTGCCYCTGATGAGATCAAGAGGCTGCCTGG']
695	NM_000552.3(VWF):c.3814T>C (p.Cys1272Arg)	7450	VWF	['GGAACCGCCGTTGCACGATTTCTACBGCAGCAGGCTACTGGACCTGGTCTT']
696	NM_000552.3(VWF):c.8317T>C (p.Cys2773Arg)	7450	VWF	['CAACGATGTGCAGGACCAGTGCTCCYGCTGCTCTCCGACACGGACGGAGCC']
697	NM_000552.3(VWF):c.3445T>C (p.Cys1149Arg)	7450	VWF	['TGAGTGTGAGTGGCGCTATAACAGCYGTGCACCTGCCTGTCAAGTCACGTG']
698	NM_000552.3(VWF):c.3178T>C (p.Cys1060Arg)	7450	VWF	['GAAGCAGACGATGGTGGATTCCTCCYGTAGAATCCTTACCAGTGACGTCTT']
699	NM_001042492.2(NF1):c.5858T>C (p.Leu1953Pro)	4763	NF1	['TGTTTGGAATACATGACTCCATGGCYGTCAAATCTAGTTCGTTTTTGCAAG']
700	NM_000267.3(NF1):c.1523T>C (p.Leu508Pro)	4763	NF1	['ATTCATGCAGATCCAAAGCTCTTGCYTTGTGTAAGTATTTTTTTATGAAAT']
701	NM_000267.3(NF1):c.6200T>C (p.Leu2067Pro)	4763	NF1	['ATTTTAGCACGCTACATGCTGATGCYGTCCTTCAACAATTCCCTTGATGTG']
702	NM_000267.3(NF1):c.1070T>C (p.Leu357Pro)	4763	NF1	['CTGTTGGGGTTTTTATAGAACCTGCYTTTTAATCCAAGTAAGCCATTCTCA']
703	NM_000267.3(NF1):c.3728T>C (p.Leu1243Pro)	4763	NF1	['TCTCAGGATGAACTAGCTCGAGTTCYGGTTACTCTGTTTGATTCTCGGCAT']
704	NM_000308.2(CTSA):c.247T>C (p.Trp83Arg)	5476	CTSA	['CTCCGGCTCCAAGCACCTCCACTACYGGTCTGCCGCCCTGCCTTCTGGGCG']
705	NM_001127695.1(CTSA):c.707T>C (p.Leu236Pro)	5476	CTSA	['ATCTCCTACAGGCTTTGGTCTTCTCYCCAGACCCACTGCTGCTCTCAAAAC']
706	NM_000308.2(CTSA):c.1271T>C (p.Met424Thr)	5476	CTSA	['GATGTAGACATGGCCTGCAATTTCAYGGGGGATGAGTGGTTTGTGGATTCC']
707	NM_000405.4(GM2A):c.412T>C (p.Cys138Arg)	2760	GM2A	['GCGTACCTATGGGCTTCCTTGCCACYGTCCCTTCAAAGAAGTAAGTACTTA']
708	NM_001165974.1(UROC1):c.209T>C (p.Leu70Pro)	131669	UROC1	['CCAGAGTTTGCCCAGGAGCTGCAACYGTACGGACACATCTACATGTACCGG']
709	NM_003730.4(RNASET2):c.550T>C (p.Cys184Arg)	8635	RNASET2	['ATATGGAGTGATACCCAAAATCCAGYGCCTTCCACCAAGCCAGGTTAGACA']
710	NM_199069.1(NDUFAF3):c.2T	25915	NDUFAF3	['GACTTCGCCGCGCGTTGGTCAGCCAYGGCC

【表６－３】

	>C (p.Met1Thr)			ACCGCTCTCGCGCTACGTAGC']
711	NM_178012.4(TUBB2B):c.514T>C (p.Ser172Pro)	347733	TUBB2B	['CATGAACACCTTCAGCGTCATGCCCYCACCCAAGGTGTCAGACACGGTGGT']
712	NM_178012.4(TUBB2B):c.683T>C (p.Leu228Pro)	347733	TUBB2B	['CCCACCTACGGGGACCTCAACCACCYGGTGTCGGCCACCATGAGCGGGGTC']
713	NM_178012.4(TUBB2B):c.793T>C (p.Phe265Leu)	347733	TUBB2B	['CATGGTGCCCTTCCCTCGCCTGCACYTCTTCATGCCCGGCTTCGCGCCCCT']
714	NM_000110.3(DPYD):c.85T>C (p.Cys29Arg)	1806	DPYD	['TCGAACACAAACTCATGCAACTCTGYGTTCCACTTCGGCCAAGAAATTAGA']
715	NM_133459.3(CCBE1):c.520T>C (p.Cys174Arg)	147372	CCBE1	['CATCCGGGAAGATGATGGGAAGACAYGTACCAGGGGAGACAAATATCCCAA']
716	NM_000035.3(ALDOB):c.442T>C (p.Trp148Arg)	229	ALDOB	['GAAAGATGGTGTTGACTTTGGGAAGYGGCGTGCTGTGCTGAGGATTGCCGA']
717	NM_000320.2(QDPR):c.106T>C (p.Trp36Arg)	5860	QDPR	['AACCAAAGCTGTTTTCTCCTTCCAGYGGGTTGCCAGCGTTGATGTGGTGGA']
718	NM_173560.3(RFX6):c.380+2T>C	222546	RFX6	['GCAGACACAGCTCACGCTGCAGTGGYGAGACTCGCCCGCAGGGTACACTGA']
719	NM_173560.3(RFX6):c.649T>C (p.Ser217Pro)	222546	RFX6	['AAAATGTACTAATTTTTTAAGGTTTYCTGGAAGCAAGCTAAAGAATGAGGT']
720	NM_000037.3(ANK1):c.-108T>C	286	ANK1	['CTGCGGGGCCTGTGACGTGCGGGCCRGGCCCCCGAGGGCCTTATCGGCCCC']
721	NM_001145308.4(LRTOMT):c.313T>C (p.Trp105Arg)	220074	LRTOMT	['TCACATCCTCACCACCCTGGACCACYGGAGCAGCCGCTGCGAGTACTTGAG']
722	NM_001012515.2(FECH):c.1268T>C (p.Phe423Ser)	2235	FECH	['CCTGTCTGCAGGGAGACTAAATCCTYCTTCACCAGCCAGCAGCTGTGACCC']
723	NM_000140.3(FECH):c.315-48T>C	2235	FECH	['TATTGAGTAGAAAACATTTCTCAGGYTGCTAAGCTGGAATAAAATCCACTT']
724	NM_024120.4(NDUFAF5):c.686T>C (p.Leu229Pro)	79133	NDUFAF5	['GCTGTCAATGACCTGGGACATCTGCYTGGGAGAGCTGGCTTTAATACTCTG']
725	NM_000277.1(PAH):c.932T>C (p.Leu311Pro)	5053	PAH	['TTACAGGAAATTGGCCTTGCCTCTCYGGGTGCACCTGATGAATACATTGAA']
726	NM_000277.1(PAH):c.764T>C (p.Leu255Ser)	5053	PAH	['GGCCTGCTTTCCTCTCGGGATTTCTYGGGTGGCCTGGCCTTCCGAGTCTTC']
727	NM_000277.1(PAH):c.143T>C (p.Leu48Ser)	5053	PAH	['TCACTCAAAGAAGAAGTTGGTGCATYGGCCAAAGTATTGCGCTTATTTGAG']
728	NM_000277.1(PAH):c.1045T>C (p.Ser349Pro)	5053	PAH	['AAAGGCATATGGTGCTGGGCTCCTGBCATCCTTTGGTGAATTACAGGTATG']
729	NM_000277.1(PAH):c.293T>C (p.Leu98Ser)	5053	PAH	['GCTCTGACAAACATCATCAAGATCTYGAGGCATGACATTGGTGCCACTGTC']
730	NM_000277.1(PAH):c.734T>C (p.Val245Ala)	5053	PAH	['TGCACTGGTTTCCGCCTCCGACCTGHGGCTGGCCTGCTTTCCTCTCGGGAT']
731	NM_000277.1(PAH):c.194T>C (p.Ile65Thr)	5053	PAH	['GAGAATGATGTAAACCTGACCCACANTGAATCTAGACCTTCTCGTTTAAAG']
732	NM_000130.4(F5):c.1160T>C	2153	F5	['CATTTGGATAATTTCTCAAACCAAAYTGGAA

【表６－４】

	(p.Ile387Thr)			AACATTATAAGAAAGTTATG']
733	NM_000512.4(GALNS):c.413T>C (p.Val138Ala)	2588	GALNS	['AAGGCCGGCTACGTCAGCAAGATTGYCGGCAAGTGGTAAGTCTCCTGGCCA']
734	NM_018077.2(RBM28):c.1052T>C (p.Leu351Pro)	55131	RBM28	['TCCTTTGACTCAGAAGAAGAAGAACYTGGGGAGCTTCTCCAACAGTTTGGA']
735	NM_203395.2(IYD):c.347T>C (p.Ile116Thr)	389434	IYD	['AATGAGCAAGTCCCAATGGAAGTCAYTGATAATGTCATCAGAACGGCAGGT']
736	NM_015702.2(MMADHC):c.776T>C (p.Leu259Pro)	27249	MMADHC	['CATTTAGGATTCTCTGTTGATGACCYTGGATGCTGTAAAGTGATTCGTCAT']
737	NM_014165.3(NDUFAF4):c.194T>C (p.Leu65Pro)	29078	NDUFAF4	['AAAGATGAAAAGCTGCTGTCGTTTCYAAAAGATGTGTATGTTGATTCCAAA']
738	NM_001136271.2(NKX2-6):c.451T>C (p.Phe151Leu)	137814	NKX2-6	['GCAGGTGCTGGCCCTGGAGCGGCGCYTCAAGCAGCAGCGGTACCTGTCAGC']
739	NM_013319.2(UBIAD1):c.511T>C (p.Ser171Pro)	29914	UBIAD1	['TATCTACTTTGGAGGCCTGTCTGGCYCCTTTCTCTACACAGGAGGTAAGAT']
740	NM_001127628.1(FBP1):c.581T>C (p.Phe194Ser)	2203	FBP1	['TTGTCTAAAAAGGCCATCGGGGAGTYCATTTTGGTGGACAAGGATGTGAAG']
741	NM_000046.3(ARSB):c.349T>C (p.Cys117Arg)	411	ARSB	['TTTACAGCACCAAATAATCTGGCCCYGTCAGCCCAGCTGTGTTCCTCTGGA']
742	NM_000046.3(ARSB):c.707T>C (p.Leu236Pro)	411	ARSB	['TCTTTCCAGCCTCTGTTTCTCTACCYTGCTCTCCAGTCTGTGCATGAGCCC']
743	NM_000404.2(GLB1):c.152T>C (p.Ile51Thr)	2720	GLB1	['AAGGATGGCCAGCCATTTCGCTACAYCTCAGGAAGCATTCACTACTCCCGT']
744	NM_000404.2(GLB1):c.247T>C (p.Tyr83His)	2720	GLB1	['AAGGGGCTGTGTGTGTCTTGGCAGGBATGTGCCCTGGAACTTTCATGAGCC']
745	NM_024782.2(NHEJ1):c.367T>C (p.Cys123Arg)	79840	NHEJ1	['CCTCCCCTTCTATTGGAATTTCCACYGCATGCTAGCTAGTCCTTCCCTGGT']
746	NM_139241.3(FGD4):c.893T>C (p.Met298Thr)	121512	FGD4	['CAGAAATTGGCACCATTCCTTAAGABGTATGGAGAATATGTGAAAGGATTT']
747	NM_020631.4(PLEKHG5):c.1940T>C (p.Phe647Ser)	57449	PLEKHG5	['TTGGGCCTTCCCTAACCAGGGTCCTYCCTCCTTATCTACCTGAATGAGTTT']
748	NM_015559.2(SETBP1):c.2612T>C (p.Ile871Thr)	26040	SETBP1	['GAGACGATCCCCAGCGACAGCGGCAYTGGGACAGACAACAACAGCACTTCT']
749	NM_138387.3(G6PC3):c.554T>C (p.Leu185Pro)	92579	G6PC3	['CTCCTAGGCGCTGTCCTGGGCTGGCYGATGACTCCCCGAGTGCCTATGGAG']
750	NM_022489.3(INF2):c.556T>C (p.Ser186Pro)	64423	INF2	['CTTCAGCATTGTCATGAACGAGCTCYCCGGCAGCGACAACGTGCCCTACGT']
751	NM_022489.3(INF2):c.125T>C (p.Leu42Pro)	64423	INF2	['GACCCCGAGCTGTGCATCCGGCTGCYCCAGATGCCCTCTGTGGTCAACTAC']
752	NM_018122.4(DARS2):c.492+2T>C	55157	DARS2	['TTTGAAATTAAGAACTTCGTGAAGGBACCAACCTCTGTTATTAATAAAATA']
753	NM_015272.3(RPGRIP1L):c.1975T>C (p.Ser659Pro)	23322	RPGRIP1L	['CCTTCATCCCGAATATAACTTCACTYCTCAATATCTTGTTCATGTTAATGA']
754	NM_001029871.3(RSPO4):c.319	34363	RSPO4	['CTTCAGCCAGGACTTCTGCATCCGGYGCAAG

【表６－５】

	T>C (p.Cys107Arg)	7		AGGCAGTTTTACTTGTACAA']
755	NM_000429.2(MAT1A):c.914T>C (p.Leu305Pro)	4143	MAT1A	['GCTGCCCGCTGGGTGGCCAAGTCTCYGGTGAAAGCAGGGCTCTGCCGGAGA']
756	NM_032581.3(FAM126A):c.158T>C (p.Leu53Pro)	84668	FAM126A	['AACATTTTGTCTTTCTTCTAGTTGCBAGAACCTGTCTGTCACCAGCTCTTT']
757	NM_006364.2(SEC23A):c.1144T>C (p.Phe382Leu)	10484	SEC23A	['GGGTGATTCTTTCAATACTTCCTTAYTCAAACAAACTTTTCAAAGAGTCTT']
758	NM_018006.4(TRMU):c.229T>C (p.Tyr77His)	55687	TRMU	['CCATCAAGTGTCCTACGTAAAGGAGYATTGGAATGATGTGTTCAGGTGAGT']
759	NM_001174089.1(SLC4A11):c.2480T>C (p.Leu827Pro)	83959	SLC4A11	['CTGCAGGTGCTTCAGCTGCTGCTGCYGTGTGCCTTCGGCATGAGCTCCCTG']
760	NM_001174089.1(SLC4A11):c.589T>C (p.Ser197Pro)	83959	SLC4A11	['AGTGACAGGGGTGCGGTACCAGCAGYCGTGGCTCTGCATCATGTGAGTTGC']
761	NM_148960.2(CLDN19):c.269T>C (p.Leu90Pro)	149461	CLDN19	['GCCCTGATGGTGGTGGCCGTGCTCCYGGGCTTCGTGGCCATGGTCCTCAGC']
762	NM_153704.5(TMEM67):c.2498T>C (p.Ile833Thr)	91147	TMEM67	['AACACAGATGGTCAGACTTTTGAGAYTGCAATTTCTAACCAGATGAGACAA']
763	NM_153704.5(TMEM67):c.1769T>C (p.Phe590Ser)	91147	TMEM67	['ACAGGTCTTTACTGGCTTATTTTCTYCAAAGTGAGTGAGTTTCTGAATTTT']
764	NM_153704.5(TMEM67):c.1843T>C (p.Cys615Arg)	91147	TMEM67	['AGAACGTTTTGTCACTTATGTTGGAHGTGCCTTTGCTCTGAAGGTAAGTTT']
765	NM_153704.5(TMEM67):c.755T>C (p.Met252Thr)	91147	TMEM67	['ACATCTTGTCAAGCTCTTGGAAATAYGTGTGTGATGAACATGAATTCTTAC']
766	NM_017777.3(MKS1):c.80+2T>C	54903	MKS1	['CCCCGTGCGCAACTTGCGCCTCCGGYAGTCGCACCGCCCCAGCCCCGAGGC']
767	NM_001041.3(SI):c.1022T>C (p.Leu341Pro)	6476	SI	['AATTACATGCTCATTTACTTTAAGCYTGTTGGACTACCAGCAATGCCAGCA']
768	NM_001041.3(SI):c.1859T>C (p.Leu620Pro)	6476	SI	['ATGGAATGGTCTATAACTGGAATGCYGGAGTTCAGTTTGTTTGGAATACCT']
769	NM_015506.2(MMACHC):c.347T>C (p.Leu116Pro)	25974	MMACHC	['CACCCCAACCGACGCCCCAAGATCCYGGCCCAGACAGCAGCCCATGTAGCT']
770	NM_000190.3(HMBS):c.739T>C (p.Cys247Arg)	3145	HMBS	['GCACGATCCCGAGACTCTGCTTCGCYGCATCGCTGAAAGGGCCTTCCTGAG']
771	NM_000190.3(HMBS):c.242T>C (p.Leu81Pro)	3145	HMBS	['GAGAAAAGCCTGTTTACCAAGGAGCYTGAACATGCCCTGGAGAAGAATGAG']
772	NM_000237.2(LPL):c.662T>C (p.Ile221Thr)	4023	LPL	['ACCAGAGGGTCCCCTGGTCGAAGCAYTGGAATCCAGAAACCAGTTGGGCAT']
773	NM_000237.2(LPL):c.337T>C (p.Trp113Arg)	4023	LPL	['AGACTCCAATGTCATTGTGGTGGACYGGCTGTCACGGGCTCAGGAGCATTA']
774	NM_000237.2(LPL):c.755T>C (p.Ile252Thr)	4023	LPL	['AACATTGGAGAAGCTATCCGCGTGAYTGCAGAGAGAGGACTTGGAGGTAAA']
775	NM_000263.3(NAGLU):c.142T>C (p.Phe48Leu)	4669	NAGLU	['GCTGGGGCCAGGCCCCGCGGCCGACYTCTCCGTGTCGGTGGAGCGCGCTCT']
776	NM_000018.3(ACADVL):c.137	37	ACADVL	['GCGTGTGCTCCGAGATCTTCGCATCYTCCGG

【表６－６】

	2T>C (p.Phe458Leu)			ATCTTTGAGGGGACAAATGA']
777	NM_018105.2(THAP1):c.241T>C (p.Phe81Leu)	55145	THAP1	['GAAAGAGAATGCTGTGCCCACAATAYTTCTTTGTACTGAGCCACATGACAA']
778	NM_005908.3(MANBA):c.1513T>C (p.Ser505Pro)	4126	MANBA	['AGACAAGAGTCGTCCTTTTATTACGYCCAGTCCTACAAATGGGGCTGAAAC']
779	NM_000124.3(ERCC6):c.2960T>C (p.Leu987Pro)	2074	ERCC6	['AAGCAGTTTTTGACAAATAGAGTGCYAAAAGACCCAAAACAAAGGCGGTTT']
780	NM_014845.5(FIG4):c.122T>C (p.Ile41Thr)	9896	FIG4	['GAAACGAAATATCGTGTCTTGAAGAYTGATAGAACAGAACCAAAAGATTTG']
781	NM_000787.3(DBH):c.339+2T>C	1621	DBH	['GATGGGGACACTGCCTATTTTGCGGYGAGTCTCTCCTCCCTGCCAGCTCTC']
782	NM_000102.3(CYP17A1):c.316T>C (p.Ser106Pro)	1586	CYP17A1	['TCTAAAGGCAACTCTAGACATCGCGYCCAACAACCGTAAGGGTATCGCCTT']
783	NM_000102.3(CYP17A1):c.1216T>C (p.Trp406Arg)	1586	CYP17A1	['GGCGCTGCATCACAATGAGAAGGAGYGGCACCAGCCGGATCAGTTCATGCC']
784	NM_000102.3(CYP17A1):c.1358T>C (p.Phe453Ser)	1586	CYP17A1	['GAGATCCTGGCCCGCCAGGAGCTCTYCCTCATCATGGCCTGGCTGCTGCAG']
785	NM_152783.4(D2HGDH):c.1331T>C (p.Val444Ala)	728294	D2HGDH	['GGAGATGGTAACCTGCACCTCAATGYGACGGCGGAGGCCTTCAGCCCCTCG']
786	NM_000255.3(MUT):c.313T>C (p.Trp105Arg)	4594	MUT	['TCCTACCATGTATACCTTTAGGCCCYGGACCATCCGCCAGTATGCTGGTTT']
787	NM_000411.6(HLCS):c.710T>C (p.Leu237Pro)	3141	HLCS	['CTGTACCAGAAGTTCATGGCCTATCYTTCTCAGGGAGGGAAGGTGTTGGGC']
788	NM_022132.4(MCCC2):c.499T>C (p.Cys167Arg)	64087	MCCC2	['AATTGCCATGCAAAACAGGCTCCCCYGCATCTACTTAGGCAAGTCACCAGA']
789	NM_020166.4(MCCC1):c.1310T>C (p.Leu437Pro)	56922	MCCC1	['CATTATGACCCCATGATTGCGAAGCYGGTCGTGTGGGCAGCAGATCGCCAG']
790	NM_198578.3(LRRK2):c.6059T>C (p.Ile2020Thr)	120892	LRRK2	['ATTGCAAAGATTGCTGACTACGGCAYTGCTCAGTACTGCTGTAGAATGGGG']
791	NM_000022.2(ADA):c.320T>C (p.Leu107Pro)	100	ADA	['GAGGTGCGGTACAGTCCGCACCTGCYGGCCAACTCCAAAGTGGAGCCAATC']
792	NM_199242.2(UNC13D):c.1208T>C (p.Leu403Pro)	201294	UNC13D	['CTGGCCGCCTCATTCAGCTCCCTGCYGACCTACGGCCTCTCCCTCATCCGG']
793	NM_152443.2(RDH12):c.523T>C (p.Ser175Pro)	145226	RDH12	['CCCTGCACGGGTGGTTAATGTGTCCYCGGTGGCTCACCACATTGGCAAGAT']
794	NM_020435.3(GJC2):c.857T>C (p.Met286Thr)	57165	GJC2	['TGCCTGCTGCTCAACCTCTGTGAGAYGGCCCACCTGGGCTTGGGCAGCGCG']
795	NM_000159.3(GCDH):c.883T>C (p.Tyr295His)	2639	GCDH	['CTTCGGCTGCCTGAACAACGCCCGGYACGGCATCGCGTGGGGCGTGCTTGG']
796	NM_000920.3(PC):c.434T>C (p.Val145Ala)	5091	PC	['CGGTTTATTGGGCCAAGCCCAGAAGBGGTCCGCAAGATGGGAGACAAGGTG']
797	NM_207118.2(GTF2H5):c.62T>C (p.Leu21Pro)	404672	GTF2H5	['GATCCTGCCATGAAGCAGTTTCTGCYGTACTTGGATGAGTCCAATGCCCTG']
798	NM_005787.5(ALG3):c.211T>C	10195	ALG3	['TCTTCTTCCAGACACAGAGATTGACYGGAA

【表６－７】

	(p.Trp71Arg)			GGCCTACATGGCCGAGGTAGA']
799	NM_024514.4(CYP2R1):c.296T>C (p.Leu99Pro)	120227	CYP2R1	['GGCTATGATGTAGTAAAGGAATGCCYTGTTCATCAAAGCGAAATTTTTGCA']
800	NM_017929.5(PEX26):c.2T>C (p.Met1Thr)	55670	PEX26	['CTGGGCCTTGGACCCGGACTCGTTAYGAAGAGCGATTCTTCGACCTCTGCA']
801	NM_017929.5(PEX26):c.134T>C (p.Leu45Pro)	55670	PEX26	['CTTCTGGAGGAGGCGGCCGACCTCCYGGTGGTGCACCTGGACTTCCGGGCG']
802	NM_213599.2(ANO5):c.1066T>C (p.Cys356Arg)	203859	ANO5	['TGGTCAGATGATCATGTGCCCACTCBGTGATCAAGTGTGTGATTATTGGAG']
803	NM_022370.3(ROBO3):c.2113T>C (p.Ser705Pro)	64221	ROBO3	['CCAGCTGGTGCAAGGTTTCCGGGTGHCTTGGAGGGTAGCAGGCCCTGAGGG']
804	NM_022370.3(ROBO3):c.14T>C (p.Leu5Pro)	64221	ROBO3	['CTGGGTCGAGCCATGCTGCGCTACCYGCTGAAAACGCTGCTGCAGATGAAC']
805	NM_207352.3(CYP4V2):c.332T>C (p.Ile111Thr)	285440	CYP4V2	['GTATGTTTTTCTCTTCCTAAGGTAABTTTAACTAGTTCAAAGCAAATTGAC']
806	NM_178857.5(RP1L1):c.2878T>C (p.Trp960Arg)	94137	RP1L1	['GTCTCCAGAGGCTGTGGTCCGCGAAYGGCTGGACAACATTCCAGAAGAGCC']
807	NM_018668.4(VPS33B):c.89T>C (p.Leu30Pro)	26276	VPS33B	['GCTCGAGACCAGCTCATCTATCTGCYGGAGCAGGTCAGTGCTTGCCTGACG']
808	NM_024006.5(VKORC1):c.134T>C (p.Val45Ala)	79001	VKORC1	['CGGGATTACCGCGCGCTCTGCGACGYGGGCACCGCCATCAGCTGTTCGCGC']
809	NM_000551.3(VHL):c.334T>C (p.Tyr112His)	7428	VHL	['TGGCACGGGCCGCCGCATCCACAGCHACCGAGGTACGGGCCCGGCGCTTAG']
810	NM_000551.3(VHL):c.292T>C (p.Tyr98His)	7428	VHL	['CAACTTCGACGGCGAGCCGCAGCCCYACCCAACGCTGCCGCCTGGCACGGG']
811	NM_000551.3(VHL):c.188T>C (p.Leu63Pro)	7428	VHL	['GAGGCCGGGCGGCCGCGGCCCGTGCYGCGCTCGGTGAACTCGCGCGAGCCC']
812	NM_000551.3(VHL):c.488T>C (p.Leu163Pro)	7428	VHL	['GTGTATACTCTGAAAGAGCGATGCCYCCAGGTTGTCCGGAGCCTAGTCAAG']
813	NM_014874.3(MFN2):c.227T>C (p.Leu76Pro)	9927	MFN2	['CCCGTTACCACAGAAGAACAGGTTCBGGACGTCAAAGGTTACCTATCCAAA']
814	NM_015046.5(SETX):c.1166T>C (p.Leu389Ser)	23064	SETX	['AACATGTATGAAGAAATGGAAACATYAGCCAGTGTACTTCAGTCAGATATT']
815	NM_005609.2(PYGM):c.1187T>C (p.Leu396Pro)	5837	PYGM	['TGGCCGGTGCACCTCTTGGAGACGCYGCTGCCGCGGCACCTCCAGATCATC']
816	NM_005609.2(PYGM):c.2392T>C (p.Trp798Arg)	5837	PYGM	['CTTTGACCTGCAGAACCCAAGAGAGHGGACGCGGATGGTGATCCGGAACAT']
817	NM_213653.3(HFE2):c.842T>C (p.Ile281Thr)	148738	HFE2	['CATGTGGAGATCCAAGCTGCCTACAYTGGCACAACTATAATCATTCGGCAG']
818	NM_213653.3(HFE2):c.238T>C (p.Cys80Arg)	148738	HFE2	['TGGAGGGGTGGGCTCTGGCGGCCTCBGTCGAGCCCTCCGCTCCTATGCGCT']
819	NM_213653.3(HFE2):c.302T>C (p.Leu101Pro)	148738	HFE2	['ACCGCCCGCACCTGCCGCGGGGACCYCGCCTTCCATTCGGCGGTACATGGC']
820	NM_000045.3(ARG1):c.32T>C	383	ARG1	['GCCAAGTCCAGAACCATAGGGATTAYTGGA

【表６－８】

	(p.Ile11Thr)			GCTCCTTTCTCAAAGGGACAG']
821	NM_032409.2(PINK1):c.1040T>C (p.Leu347Pro)	-1	-	['GCCGCCATGATGCTGCTGCAGCTGCYGGAAGGCGTGGACCATCTGGTTCAA']
822	NM_153006.2(NAGS):c.1289T>C (p.Leu430Pro)	-1	-	['GCCAGGTACAACGCCGCCGCCATTCYGACCATGGAGCCCGTCCTGGGGGGC']
823	NM_153006.2(NAGS):c.1450T>C (p.Trp484Arg)	-1	-	['CCGGGTCACCAACCCCATCAATCCCBGGTAGGTCCTGCCACTCCCAGCTCT']
824	NM_001173464.1(KIF21A):c.3029T>C (p.Ile1010Thr)	55605	KIF21A	['AGTATTTCTGATTGTCAGGCCAACAYAATGCAGATGGAAGAAGCAAAGGTT']
825	NM_001173464.1(KIF21A):c.1067T>C (p.Met356Thr)	55605	KIF21A	['GTCAGCCCTTCAGACAGAGACTTTAYGGAAACGTTAAACACCCTGAAATAC']
826	NM_000434.3(NEU1):c.1088T>C (p.Leu363Pro)	4758	NEU1	['TCATGGCGGAAAGAGACAGTCCAGCYATGGCCAGGCCCCAGTGGCTATTCA']
827	NM_000434.3(NEU1):c.718T>C (p.Trp240Arg)	4758	NEU1	['CCTCAGCGATGATCATGGTGCCTCCYGGCGCTACGGAAGTGGGGTCAGCGG']
828	NM_000026.2(ADSL):c.1312T>C (p.Ser438Pro)	158	ADSL	['TGATGCCTACTTCAGTCCCATTCACYCCCAGTTGGATCATTTACTGGATCC']
829	NM_000026.2(ADSL):c.674T>C (p.Met225Thr)	158	ADSL	['TCCAAGGTAGAGCAGCTTGACAAGAYGGTGACAGAAAAGGCAGGATTTAAG']
830	NM_018400.3(SCN3B):c.29T>C (p.Leu10Pro)	55800	SCN3B	['CCTGCCTTCAATAGATTGTTTCCCCYGGCTTCTCTCGTGCTTATCTACTGG']
831	NM_024577.3(SH3TC2):c.505T>C (p.Tyr169His)	79628	SH3TC2	['CCTTCCTGTATCAGGAGTCCCAGGTRTATTGTTTCCAGGTGTTTATCATCT']
832	NM_000243.2(MEFV):c.2177T>C (p.Val726Ala)	4210	MEFV	['GTGGGCATCTTCGTGGACTACAGAGHTGGAAGCATCTCCTTTTACAATGTG']
833	NM_000483.4(APOC2):c.142T>C (p.Trp48Arg)	-1	-	['GGTGAAGGAATCTCTCTCCAGTTACYGGGAGTCAGCAAAGACAGCCGCCCA']
834	NM_058172.5(ANTXR2):c.566T>C (p.Ile189Thr)	118429	ANTXR2	['CTCTTCTTTCTAAAGCTTGAAAGAAYTGCTGATTCCAAGGAGCAAGTTTTC']
835	NM_001128085.1(ASPA):c.454T>C (p.Cys152Arg)	-1	-	['TCAGACTTCTCTGGCTCCACTACCCYGCTACGTTTATCTGATTGAGCATCC']
836	NM_022464.4(SIL1):c.645+2T>C	64374	SIL1	['TGACTTATGGACGAAGAAATACAGTRCCTGATGGACATAATATTCAAGATC']
837	NM_001037633.1(SIL1):c.1370T>C (p.Leu457Pro)	64374	SIL1	['CTGCTGGGCTCTGTCAACAGCTTGCYGAAGGAGCTGAGATGAGGCCCCACA']
838	NM_000391.3(TPP1):c.1093T>C (p.Cys365Arg)	1200	TPP1	['TCTCTCAGGTGACAGTGGGGCCGGGYGTTGGTCTGTCTCTGGAAGACACCA']
839	NM_182760.3(SUMF1):c.1006T>C (p.Cys336Arg)	285362	SUMF1	['AGTGAAGAAAGGTGGATCCTACATGYGCCATAGGGTAAGTCATGTCACTAA']
840	NM_182760.3(SUMF1):c.463T>C (p.Ser155Pro)	285362	SUMF1	['CTTATAGGCTGAGAAGTTTGGCGACYCCTTTGTCTTTGAAGGCATGTTGAG']
841	NM_177986.3(DSG4):c.574T>C (p.Ser192Pro)	-1	-	['TGCAGATGAAGAAAATCATCTGAATHCTAAAATTGCCTACAAGATCGTCTC']
842	NM_004183.3(BEST1):c.253T>	7439	BEST1	['CCCCCGCCCCTCCTGCCCAGGCTTCYACGTG

【表６－９】

	C (p.Tyr85His)			ACGCTGGTCGTGACCCGCTG']
843	NM_004183.3(BEST1):c.122T>C (p.Leu41Pro)	7439	BEST1	['TATGGCGAGTTCTTAATCTTCCTGCYCTGCTACTACATCATCCGCTTTATT']
844	NM_004183.3(BEST1):c.614T>C (p.Ile205Thr)	7439	BEST1	['CTTGGAGGTCGAATCCGGGACCCTAYCCTGCTCCAGAGCCTGCTGAACGTG']
845	NM_004183.3(BEST1):c.704T>C (p.Val235Ala)	7439	BEST1	['TACGACTGGATTAGTATCCCACTGGYGTATACACAGGTGAGGACTAGGCTG']
846	NM_024312.4(GNPTAB):c.1120T>C (p.Phe374Leu)	79158	GNPTAB	['TGTTTGTTGTTGTTAAAAGGATGTTYTTCGAAATTTGAGCCACTTGCCTAC']
847	NM_000158.3(GBE1):c.671T>C (p.Leu224Pro)	2632	GBE1	['TATAAACATTTTACATGCAATGTACYACCAAGAATCAAAGGCCTTGGTAAG']
848	NM_017890.4(VPS13B):c.8459T>C (p.Ile2820Thr)	157680	VPS13B	['CAGGTGCCATCTTCAAACAGTTCCAYTATTTATGTCTGGTGCACAGTTTTG']
849	NM_000019.3(ACAT1):c.935T>C (p.Ile312Thr)	38	ACAT1	['CTCAATGTTACACCACTGGCAAGAAYAGTAGGTAAGGCCAGGCGAGGTGGC']
850	NM_020184.3(CNNM4):c.971T>C (p.Leu324Pro)	26504	CNNM4	['CTCAGTTTTCCCATTAGCAAGCTCCYGGACTTTTTCTGGGCCAGGAGATT']
851	NM_001171507.2(MCFD2):c.407T>C (p.Ile136Thr)	90411	MCFD2	['GATGACAAGAACAATGATGGATACAYTGACTATGCTGAATTTGCAAAATCA']
852	NM_174936.3(PCSK9):c.646T>C (p.Phe216Leu)	255738	PCSK9	['TGTGCCCGAGGAGGACGGGACCCGCYTCCACAGACAGGTAAGCACGGCCGT']
853	NM_000419.3(ITGA2B):c.1787T>C (p.Ile596Thr)	3674	ITGA2B	['GACTTCCGGGACAAGCTGAGCCCCAYTGTGCTCAGCCTCAATGTGTCCCTA']
854	NM_000419.3(ITGA2B):c.641T>C (p.Leu214Pro)	3674	ITGA2B	['CCCTTCCAGGCCGGAGAGCTGGTGCYTGGGGCTCCTGGCGGCTATTATTTC']
855	NM_004817.3(TJP2):c.143T>C (p.Val48Ala)	9414	TJP2	['TCCAAAAGAGGATTTGGAATTGCAGYGTCCGGAGGCAGAGACAACCCCCAC']
856	NM_173477.4(USH1G):c.143T>C (p.Leu48Pro)	124590	USH1G	['GCCTACCATGGCAACCTCGAGTCGCYGCGTCTCATTGTGAGCCGCGGGTGA']
857	NM_000271.4(NPC1):c.3182T>C (p.Ile1061Thr)	4864	NPC1	['GACGCTCTGAAGAAAGCCCGACTTAYAGCCAGTAATGTCACCGAAACCATG']
858	NM_000271.4(NPC1):c.1133T>C (p.Val378Ala)	4864	NPC1	['TTTGTCCGGGTCACAACCAATCCAGYTGACCTCTGGTCAGCCCCCAGCAGC']
859	NM_000271.4(NPC1):c.337T>C (p.Cys113Arg)	4864	NPC1	['ACTGAACCTGTTTTGTGAGCTGACAYGTAGCCCTCGACAGAGTCAGTTTTT']
860	NM_000543.4(SMPD1):c.911T>C (p.Leu304Pro)	6609	SMPD1	['CGGGCCCTGACCACCGTCACAGCACYTGTGAGGAAGTTCCTGGGGCCAGTG']
861	NM_000226.3(KRT9):c.503T>C (p.Leu168Ser)	3857	KRT9	['CTCAATTCTCGGCTGGCCTCTTACTYGGATAAGGTGCAGGCTCTAGAGGAG']
862	NM_000226.3(KRT9):c.470T>C (p.Met157Thr)	3857	KRT9	['CTGACTGCTAATGAGAAGAGCACCANGCAGGAACTCAATTCTCGGCTGGCC']
863	NM_000051.3(ATM):c.7967T>C (p.Leu2656Pro)	-1	-	['CCAGCAGACCAGCCAATTACTAAACYTAAGAATTTAGAAGATGTTGTTGTC']
864	NM_000487.5(ARSA):c.410T>C	410	ARSA	['GGGGTGGGGCCTGAGGGGGCCTTCCYGCCC

【表６－１０】

	(p.Leu137Pro)			CCCCATCAGGGCTTCCATCGA']
865	NM_017653.3(DYM):c.1624T>C (p.Cys542Arg)	54808	DYM	['AATGATGTTAGAGATCATCAACTCCYGCCTGACAAATTCCCTTCACCACAA']
866	NM_016038.2(SBDS):c.258+2T>C	51119	SBDS	['GACCAAACTGAAATCTGTAAGCAGGYGGGTAACAGCTGCAGCATAGCTAAC']
867	NM_001079802.1(FKTN):c.527T>C (p.Phe176Ser)	2218	FKTN	['ACTCATGCGATCCACTTGGTAGTCTYTCATGAGAGGAGTGGCAACTACCTC']
868	NM_013382.5(POMT2):c.2242T>C (p.Trp748Arg)	29954	POMT2	['GGCAGGACTAAGGTGGCTGGACTCAYGGGACTTTTGAGGCCACTGCAAAGA']
869	NM_024529.4(CDC73):c.191T>C (p.Leu64Pro)	79577	CDC73	['ACATTGGATTCCATTTTATTTCTACYTAATAACGTGCACCTTTCTCATCCT']
870	NM_000268.3(NF2):c.1079T>C (p.Leu360Pro)	4771	NF2	['ACGAGGGATGAGTTGGAGAGGAGGCYGCTGCAGATGAAAGAAGAAGCAACA']
871	NM_000268.3(NF2):c.1604T>C (p.Leu535Pro)	4771	NF2	['GAATACATGGAAAAGAGCAAGCATCYGCAGGAGCAGCTCAATGAACTCAAG']
872	NM_000268.3(NF2):c.185T>C (p.Phe62Ser)	4771	NF2	['CTGGGGCTCCGAGAAACCTGGTTCTYTGGACTGCAGTACACAATCAAGGAC']
873	NM_139248.2(LIPH):c.322T>C (p.Trp108Arg)	200879	LIPH	['AGACATGAACGTAGTTGTTGTTGATYGGAATCGAGGAGCTACAACTTTAAT']
874	NM_015102.4(NPHP4):c.2972T>C (p.Phe991Ser)	261734	NPHP4	['GCCACGCTGGGGGTCGCCGAGTTCTYTGAGTTTGTGCTTAAGAACCCCCAC']
875	NM_024105.3(ALG12):c.473T>C (p.Leu158Pro)	79087	ALG12	['ACCCTCCCGCACTGTCTTGCAGTCCYGCTGGCCCTCGCGGCCTGGCTGCGG']
876	NM_000280.4(PAX6):c.773T>C (p.Phe258Ser)	5080	PAX6	['GTCCCACCTGATTTCCAGGTATGGTYTTCTAATCGAAGGGCCAAATGGAGA']
877	NM_024426.4(WT1):c.1351T>C (p.Phe451Leu)	7490	WT1	['CTCTGTCCATTTAGGTGTGAAACCAYTCCAGTGTAAAACTTGTCAGCGAAA']
878	NM_024426.4(WT1):c.1378T>C (p.Phe460Leu)	7490	WT1	['CCAGTGTAAAACTTGTCAGCGAAAGYTCTCCCGGTCCGACCACCTGAAGAC']
879	NM_005957.4(MTHFR):c.968T>C (p.Leu323Pro)	4524	MTHFR	['GTGCCAGGCCTCCACTTCTACACCCYCAACCGCGAGATGGCTACCACAGAG']
880	NM_016247.3(IMPG2):c.370T>C (p.Phe124Leu)	50939	IMPG2	['TCACGCCCAGGAAGTCGATCCCAAARAGTCCTGAAGGCTTCCCAGACAGCT']
881	NM_002225.3(IVD):c.134T>C (p.Leu45Pro)	3712	IVD	['CCCGTGGACGATGCAATCAATGGGCYAAGCGAGGAGCAGAGGCAGGTGAGG']
882	NM_001127328.2(ACADM):c.1136T>C (p.Ile379Thr)	34	ACADM	['CAGTTAGCTACTGATGCTGTGCAGAYACTTGGAGGCAATGGATTTAATACA']
883	NM_001127328.2(ACADM):c.742T>C (p.Cys248Arg)	34	ACADM	['TTAGGAATTAAACATGGGCCAGCGAYGTTCAGATACTAGAGGAATTGTCTT']
884	NM_000016.5(ACADM):c.199T>C (p.Tyr67His)	34	ACADM	['GGAAATCATCCCAGTGGCTGCAGAAYATGATAAAACTGGTGAAGTAGGTAT']
885	NM_000155.3(GALT):c.221T>C (p.Leu74Pro)	2592	GALT	['CCCCGCCATGACCCTCTCAACCCTCBGTGTCCTGGGGCCATCCGAGCCAAC']
886	NM_000155.3(GALT):c.512T>C	2592	GALT	['CTCCGTATCCCTATCTGATAGATCTYTGAAA

【表６－１１】

	(p.Phe171Ser)			ACAAAGGTGCCATGATGGGC']
887	NM_000155.3(GALT):c.580T>C (p.Phe194Leu)	2592	GALT	['CCCTTGACAGGTATGGGCCAGCAGTYTCCTG CCAGATATTGCCCAGCGTGA']
888	NM_000250.1(MPO):c.752T>C (p.Met251Thr)	4353	MPO	['ACTCCGGACCAGGAGCGCTCACTCAYGTTC ATGCAATGGGGCCAGCTGTTG']
889	NM_020247.4(ADCK3):c.1398+ 2T>C	56997	ADCK3	['CTCAGCCAGGAGATTCGGAACGAGGYTTGT CTGTGCCAGCAGACAGGTGGG']
890	NM_000229.1(LCAT):c.508T>C (p.Trp170Arg)	3931	LCAT	['GACTGTGCGCGCCGCCCCCTATGACYGGCG GCTGGAGCCCGGTGAGTGTCT']
891	NM_000229.1(LCAT):c.698T>C (p.Leu233Pro)	3931	LCAT	['CGCTTTATTGATGGCTTCATCTCTCYTGGGG CTCCCTGGGGTGGCTCCATC']
892	NM_000229.1(LCAT):c.524- 22T>C	3931	LCAT	['CAGGTGCCCCAGACCCCAGCTGCCCYGACC CCTTCCACCCGCTGCAGGCCA']
893	NM_000403.3(GALE):c.548T>C (p.Leu183Pro)	2582	GALE	['CCACAGACTTGGAACGCAGTGCTGCYGCGC TATTTCAACCCCACAGGTGCC']
894	NM_000527.4(LDLR):c.694+2T >C	3949	LDLR	['ACAAATCTGACGAGGAAAACTGCGGYATGG GCGGGGCCAGGGTGGGGGCGG']
895	NM_000375.2(UROS):c.217T>C (p.Cys73Arg)	7390	UROS	['CAGAGCAGTGGAAGCAGCAGAGTTAYGTTT GGAGCAAAACAATAAAACTGA']
896	NM_000375.2(UROS):c.-26- 177T>C	7390	UROS	['GCTAACATGCTCTTTCTTGGCCTTAYCAGTG ACAGGGGTCTTCAGAAAGAA']
897	NM_000372.4(TYR):c.265T>C (p.Cys89Arg)	7299	TYR	['GCCTTCCGTCTTTTATAATAGGACCYGCCAG TGCTCTGGCAACTTCATGGG']
898	NM_000017.3(ACADS):c.529T> C (p.Trp177Arg)	35	ACADS	['CACCGCCCGGGCCGAGGGCGACTCABGGGT TCTGAATGGAACCAAAGCCTG']
899	NM_000053.3(ATP7B):c.3443T >C (p.Ile1148Thr)	540	ATP7B	['GCGCCTCAGCCACTCACGGTTTCCARTCAGC ACAGAGAAGGTCTGGGGGAC']
900	NM_000053.3(ATP7B):c.2123T >C (p.Leu708Pro)	540	ATP7B	['GCCTTCACTGTCCTTGTCTTTCAGCYCCTCG GTGGGTGGTACTTCTACGTT']
901	NM_000520.4(HEXA):c.1453T> C (p.Trp485Arg)	3073	HEXA	['AGCAGGGGCTGTTGCCGAAAGGCTGYGGAG CAACAAGTTGACATCTGACCT']
902	NM_000520.4(HEXA):c.632T>C (p.Phe211Ser)	3073	HEXA	['TGGCATCTGGTAGATGATCCTTCCTYCCCAT ATGAGAGCTTCACTTTTCCA']
903	NM_000520.4(HEXA):c.538T>C (p.Tyr180His)	3073	HEXA	['CTTGCTGTTGGATACATCTCGCCATYACCTG CCACTCTCTAGCATCCTGGA']
904	NM_016335.4(PRODH):c.1322T >C (p.Leu441Pro)	5625	PRODH	['CTGGGCCAGGTATGCGCCCCGCACCRGCTTG GCCCCAAAACACCAGCCCTC']
905	NM_000152.3(GAA):c.953T>C (p.Met318Thr)	2548	GAA	['GTGTTCCTGCTAAACAGCAATGCCAYGGGT AAGCTGCCCGCCGCCCAGCGC']
906	NM_012213.2(MLYCD):c.119T >C (p.Met40Thr)	23417	MLYCD	['GCGGCCGGCGCCCTGGAGCGGGCCAYGGAC GAGCTGCTGCGCCGCGCGGTG']
907	NM_012464.4(TLL1):c.713T>C (p.Val238Ala)	7092	TLL1	['AAGAACTGTGATAAATTTGGGATTGYTGTTC ATGAATTGGGTCATGTGATA']
908	NM_000112.3(SLC26A2):c.-	1836	SLC26A2	['CCTGCAGCGGCCCGGACCCGAGAGGYGAGA

【表６－１２】

	26+2T>C			AGAGGGAAGCGGACCAGGGAA']
909	NM_138691.2(TMC1):c.1543T>C (p.Cys515Arg)	117531	TMC1	['CCCTGCAGATGTACCTCGAGGACCTYGCTGGGAAACAATGGTGGGACAGGT']
910	NM_138694.3(PKHD1):c.10658T>C (p.Ile3553Thr)	5314	PKHD1	['GTTGTCCTACAAGGAGAGGAGCCCAYTGAAATACGCTCAGGTGTTTCCATT']
911	NM_001034116.1(EIF2B4):c.1393T>C (p.Cys465Arg)	8890	EIF2B4	['TGCAGATGACCCTGATGATCTGCAAYGTAAGCGGGGAGAACATGTTGCGCT']
912	NM_001034116.1(EIF2B4):c.1465T>C (p.Tyr489His)	8890	EIF2B4	['ATCCCTACGGTTGTTGAATCTAGTCYATGATGTGACTCCCCCAGAGCTTGT']
913	NM_018960.4(GNMT):c.149T>C (p.Leu50Pro)	27232	GNMT	['ACCGCCGAGTACAAGGCATGGCTGCYTGGGCTGCTGCGCCAGCACGGCTGC']
914	NM_181457.3(PAX3):c.268T>C (p.Tyr90His)	5077	PAX3	['CTGCGTCTCCAAGATCCTGTGCAGGYACCAGGAGACTGGCTCCATACGTCC']
915	NM_024301.4(FKRP):c.899T>C (p.Val300Ala)	79147	FKRP	['GAGACCACGCGCTGCTTCGGAACCGYGGTGGGCGACACGCCCGCCTACCTC']
916	NM_021020.3(LZTS1):c.85T>C (p.Ser29Pro)	11178	LZTS1	['TTCGCAGTACAAGCTGCGCAAGTCCYCCCACCTCAAGAAGCTCAACCGGTA']
917	NM_005857.4(ZMPSTE24):c.1018T>C (p.Trp340Arg)	10269	ZMPSTE24	['TGTACTAGGCCATGAACTGGGGCACYGGAAGTTGGGACATACAGTCAAAAA']
918	NM_017838.3(NHP2):c.415T>C (p.Tyr139His)	55651	NHP2	['GCCCCATGAGGAGTACCAGGAGGCTYACGATGAGTGCCTGGAGGAGGTGCA']
919	NM_000157.3(GBA):c.1448T>C (p.Leu483Pro)	2629	GBA	['GGGATGCATCAGTGCCACTGCGTCCVGGTCGTTCTTCTGACTGGCAACCAG']
920	NM_001005741.2(GBA):c.751T>C (p.Tyr251His)	2629	GBA	['CATCTACCACCAGACCTGGGCCAGAYACTTTGTGAAGTAAGGGATCAGCAA']
921	NM_001243133.1(NLRP3):c.1718T>C (p.Phe573Ser)	114548	NLRP3	['AAATTCGAAAAGGGGTATTTGATTTYTGTTGTACGTTTCCTCTTTGGCCTG']
922	NM_001243133.1(NLRP3):c.926T>C (p.Phe309Ser)	114548	NLRP3	['GGCTTCGATGAGCTGCAAGGTGCCTYTGACGAGCACATAGGACCGCTCTGC']
923	NM_001243133.1(NLRP3):c.1058T>C (p.Leu353Pro)	114548	NLRP3	['CTCATCACCACGAGACCTGTGGCCCYGGAGAAACTGCAGCACTTGCTGGAC']
924	NM_057176.2(BSND):c.35T>C (p.Ile12Thr)	7809	BSND	['GAGAAGACCTTCCGGATCGGCTTCAYTGTGCTGGGGCTTTTCCTGCTGGCC']
925	NM_001195794.1(CLRN1):c.488T>C (p.Leu163Pro)	7401	CLRN1	['TCTGTTGCAGGCTCCTGTGGCTGTCYTGTCATGATATTGTTTGCCTCTGAA']
926	NM_175073.2(APTX):c.668T>C (p.Leu223Pro)	54840	APTX	['GCTGTGGCCAGGGAACACCTTGAACYCCTTAAGCATATGCACACTGTGGGG']
927	NM_020365.4(EIF2B3):c.1037T>C (p.Ile346Thr)	8891	EIF2B3	['CCACCAGTCCATTCGTCAGCCCAGAYTGTCAGCAAACACCTGGTAAGTGCT']
928	NM_031433.3(MFRP):c.545T>C (p.Ile182Thr)	-1	-	['ATCCAGGTGGCCACAGACCATGCAAYACAGCTCAAGATCGAAGCCCTCAGC']
929	NM_016180.4(SLC45A2):c.1082T>C (p.Leu361Pro)	51151	SLC45A2	['AGTGCACACAACTCCACAGAGTTTCYCATCTACGAAAGAGGAGTCGAGGTT']
930	NM_006005.3(WFS1):c.2486T>	7466	WFS1	['AGCCTCATCGAGTTCAGCACCATCCYGGAG

【表６－１３】

	C (p.Leu829Pro)			GGCCGCCTGGGCAGCAAGTGG']
931	NM_024960.4(PANK2):c.178T>C (p.Ser60Pro)	80025	PANK2	['GATCAAAGGAATTTTATACATTGACYCAGTCGGATTCAATGGACGGTCACA']
932	NM_024960.4(PANK2):c.437T>C (p.Met146Thr)	80025	PANK2	['ACCACTTTTGAAGAAGCTCTTGAAAYGGCATCTCGTGGAGATAGCACCAAA']
933	NM_020427.2(SLURP1):c.43T>C (p.Trp15Arg)	57152	SLURP1	['TGTGCAGCTGCTGCTCGTGGCAGCCYGGAGCATGGGCTGTGGTGAGTGGGC']
934	NM_020427.2(SLURP1):c.229T>C (p.Cys77Arg)	57152	SLURP1	['GGTGACCCGCTCCTGCTCCAGCTCCYGTGTGGCCACCGACCCCGACAGCAT']
935	NM_021830.4(C10orf2):c.1142T>C (p.Leu381Pro)	56652	C10orf2	['CTTCGGGAGGAGGTGCTAGGAGAACBGTCAAATGTGGAGCAAGCAGCTGGC']
936	NM_001033855.2(DCLRE1C):c.2T>C (p.Met1Thr)	64421	DCLRE1C	['CCGGACTCTGGGATCGGCGGCGCTAYGAGTTCTTTCGAGGGGCAGATGGCC']
937	NM_153741.1(DPM3):c.254T>C (p.Leu85Ser)	54344	DPM3	['CAGATACAGGAGGCCCGAGCCGACTYAGCCCGCAGGGGGCTGCGCTTCTGA']
938	NM_000441.1(SLC26A4):c.707T>C (p.Leu236Pro)	5172	SLC26A4	['GCCTTCCAAGTGCTGGTCTCACAGCYAAAGATTGTCCTCAATGTTTCAACC']
939	NM_000441.1(SLC26A4):c.1588T>C (p.Tyr530His)	5172	SLC26A4	['TGGAAGCATCCCTAGCACAGATATCYACAAAAGTACCAAGAATTACAAAAA']
940	NM_000441.1(SLC26A4):c.-103T>C	-1	-	['CTTTCCCTTCGACCAAGGTGTCTGTYGCTCCGTAAATAAAACGTCCCACTG']
941	NM_000441.1(SLC26A4):c.1003T>C (p.Phe335Leu)	5172	SLC26A4	['ATTTTTCACTTAAAAACTCACTAGGHTTTTGCCTCCTGAACTTCCACCTGT']
942	NM_022458.3(LMBR1):c.423+4842T>C	64327	LMBR1	['AACAAAGATTTTTTTAATATGTTTCYATCCTGTGTCACAGTTTGAAATTGT']
943	NM_022458.3(LMBR1):c.423+4808T>C	64327	LMBR1	['AAAGCTGAGCAACATGACAGCACAAYAGAGGAGGAACAAAGATTTTTTTAA']
944	NM_145693.2(LPIN1):c.1441+2T>C	23175	LPIN1	['GCGACCACCGGGAGATCACGAAAGGYACCGCGGGCCTCGCGCGGGCGCCCT']
945	NM_022124.5(CDH23):c.5663T>C (p.Phe1888Ser)	64072	CDH23	['AGTGGCTGCAATGCACGCCTCACCTYCAACATCACTGCGGGCAACCGCGAG']
946	NM_153212.2(GJB4):c.409T>C (p.Phe137Leu)	127534	GJB4	['GTGGACGTACTTGCTGAGCCTCATCYTCAAGGCCGCCGTGGATGCTGGCTT']
947	NM_021044.2(DHH):c.2T>C (p.Met1Thr)	50846	DHH	['TTTTGGCCGAGGTCCGCTGTATCCAYGGCTCTCCTGACCAATCTACTGCCC']
948	NM_021044.2(DHH):c.485T>C (p.Leu162Pro)	50846	DHH	['CGCGACCGCAACAAGTATGGGTTGCYGGCGCGCCTCGCAGTGGAAGCCGGC']
949	NM_020638.2(FGF23):c.287T>C (p.Met96Thr)	8074	FGF23	['GTGATGAGCAGAAGATACCTCTGCAYGGATTTCAGAGGCAACATTTTTGGA']
950	NM_022041.3(GAN):c.1268T>C (p.Ile423Thr)	8139	GAN	['TGCTATGCAGCTATGAAAAAGAAAAYCTACGCCATGGGTGGAGGCTCCTAC']
951	NM_015665.5(AAAS):c.787T>C (p.Ser263Pro)	8086	AAAS	['CAGTGGGGGGCGGCTGCTCTCAGCTYCACCCGTGGATGCTGCTATCCGGGT']
952	NM_021615.4(CHST6):c.827T>	4166	CHST6	['TACCGCCTGGTGCGCTTCGAGGACCYGGCG

【表６－１４】

	C (p.Leu276Pro)			CGGGAGCCGCTGGCAGAAATC']
953	NM_000368.4(TSC1):c.539T>C (p.Leu180Pro)	7248	TSC1	['GTGGCGGAAGTCTATCTCGTCCATCYCCATG CCAGTGTGTACGCACTCTTT']
954	NM_020661.2(AICDA):c.238T> C (p.Trp80Arg)	57379	AICDA	['CCCTGGCCGCTGCTACCGCGTCACCYGGTTC ACCTCCTGGAGCCCCTGCTA']
955	NM_020661.2(AICDA):c.317T> C (p.Leu106Pro)	57379	AICDA	['CTGCGAGGGAACCCCAACCTCAGTCYGAGG ATCTTCACCGCGCGCCTCTAC']
956	NM_020661.2(AICDA):c.452T> C (p.Phe151Ser)	57379	AICDA	['GATTATTTTTACTGCTGGAATACTTYTGTAG AAAACCACGAAAGAACTTTC']
957	NM_020632.2(ATP6V0A4):c.17 39T>C (p.Met580Thr)	50617	ATP6V0A4	['ATCATTCTGCAATTTATCCCTGAGAYGATTT TTATCCTGTGTCTGTTTGGA']
958	NM_054027.4(ANKH):c.143T> C (p.Met48Thr)	56172	ANKH	['GCTGTCAAGGAGGATGCAGTCGAGAYGCTG GCCAGCTACGGGCTGGCGTAC']
959	NM_054027.4(ANKH):c.1015T> C (p.Cys339Arg)	56172	ANKH	['TGTTTGATGTCTTTCTCCCCAGCTCYGTTTCG TGATGTTTTGGACACCCAA']
960	NM_054027.4(ANKH):c.1172T> C (p.Leu391Pro)	-1	-	['GTGAGGGCGCATCTCACCGGGTGGCYGATG ACACTGAAGAAAACCTTCGTC']
961	NM_016373.3(WWOX):c.872T> C (p.Leu291Pro)	51741	WWOX	['ACAAAAAACGACTATTGGGCGATGCYGGCT TATAACAGGTCCAAGCTCTGC']
962	NM_021102.3(SPINT2):c.337+2 T>C	10653	SPINT2	['CAGCGGATTCCTCTGTCCCAAGTGGYAGGTT CTTAAAGAGACCCGCGATGG']
963	NM_014588.5(VSX1):c.50T>C (p.Leu17Pro)	30813	VSX1	['GACGGGCGCACTAGCAGCAGGGCGCYGGTG CCTGGCGGTTCCCCTAGGGGC']
964	NM_006946.2(SPTBN2):c.758T >C (p.Leu253Pro)	6712	SPTBN2	['GAAAAGGAACTGGGACTTACCAAGCYGCTG GATCCCGAAGGTGGGGCCAGA']
965	NM_012452.2(TNFRSF13B):c.3 10T>C (p.Cys104Arg)	23495	TNFRSF13 B	['GCACCCTAAGCAATGTGCATACTTCYGTGAG AACAAGCTCAGGAGCCCAGT']
966	NM_170784.2(MKKS):c.830T> C (p.Leu277Pro)	8195	MKKS	['GAAAATGCAGTCTTGGACCAGCTGCYTAAC CTAGGAAGGCAGCTAATCAGT']
967	NM_015717.4(CD207):c.790T> C (p.Trp264Arg)	50489	CD207	['AATGGCGTGTCATCCACCCAGGACCRGTCCC CTTCCATCCCTGCTTTAGTC']
968	NM_153717.2(EVC):c.919T>C (p.Ser307Pro)	2121	EVC	['TGTGGAAAAGAAGGAGAGAGAATACYCTGA ACAGCTAATCGATAATGTGCG']
969	NM_014384.2(ACAD8):c.455T> C (p.Met152Thr)	27034	ACAD8	['AAATTTTGCCCACCGCTCTGTACCAYGGAGA AGTTTGCTTCCTACTGCCTC']
970	NM_004924.4(ACTN4):c.784T> C (p.Ser262Pro)	81	ACTN4	['CGAGAAGGCCATAATGACCTATGTGYCCAG CTTCTACCATGCCTTTTCAGG']
971	NM_005097.3(LGI1):c.136T>C (p.Cys46Arg)	9211	LGI1	['AGCGAAGCCAAAATGCCCTGCCGTGYGTAC TTGTACCAAAGATAATGCTTT']
972	NM_005097.3(LGI1):c.695T>C (p.Leu232Pro)	9211	LGI1	['GCAGAATTTGCAAAGTCTCAAGACCYGCCTT ATCAATCATTGTCCATAGAC']
973	NM_006329.3(FBLN5):c.679T> C (p.Ser227Pro)	10516	FBLN5	['GCAAACCTGCGTCAACACCTACGGCYCTTTC ATCTGCCGCTGTGACCCAGG']
974	NM_006329.3(FBLN5):c.506T>	10516	FBLN5	['TTGCTTGCATTTCTGTTTCCAGACAYTGATG

【表６－１５】

	C (p.Ile169Thr)			AATGTCGCTATGGTTACTGC']
975	NM_013339.3(ALG6):c.1432T>C (p.Ser478Pro)	29929	ALG6	['GTTTTCTGTATTGGTGTGTTTTGTAYCTTGCTTGAACTTCCTGTTCTTCTT']
976	NM_006899.3(IDH3B):c.395T>C (p.Leu132Pro)	3420	IDH3B	['GAGCTAGCCTCCTATGATATGCGGCYGAGGTAGGTGGTCTGGGTGGGGTGA']
977	NM_014363.5(SACS):c.5836T>C (p.Trp1946Arg)	26278	SACS	['AATGGATTATACTTACTATGCAGTAYGGCCCGATCCTGATTTAGTTCATGA']
978	NM_014363.5(SACS):c.9742T>C (p.Trp3248Arg)	26278	SACS	['AAGTGAGTCTTGGCTTAAGAATGCAYGGCATTTTATTAGTGAATCTGTAAG']
979	NM_014363.5(SACS):c.3161T>C (p.Phe1054Ser)	26278	SACS	['CAGATGGTATCAGCTGGTGAACTCTYTGACCCTGATATAGAAGTACTAAAG']
980	NM_014324.5(AMACR):c.154T>C (p.Ser52Pro)	-1	-	['GAGCCGCTTGGGCCGGGGCAAGCGCYCGCTAGTGCTGGACCTGAAGCAGCC']
981	NM_014324.5(AMACR):c.320T>C (p.Leu107Pro)	-1	-	['AATCCAAGGCTTATTTATGCCAGGCYGAGTGGATTTGGCCAGTCAGGAAGC']
982	NM_001040108.1(MLH3):c.3826T>C (p.Trp1276Arg)	27030	MLH3	['GACAGAGGAACAAAGGAGACTCTTAYGGTCAGTACCACCATGAGAATGTGA']
983	NM_014336.4(AIPL1):c.715T>C (p.Cys239Arg)	23746	AIPL1	['TACTCTGATCCTCAACTACTGCCAGYGCCTGCTGAAGAAGGAGGAGTACTA']
984	NM_001001486.1(ATP2C1):c.1751T>C (p.Leu584Pro)	27032	ATP2C1	['CTCTCATTTGCTTTAGCCAGTCGTCYGGGATTGTATTCCAAAACTTCCCAG']
985	NM_007194.3(CHEK2):c.470T>C (p.Ile157Thr)	11200	CHEK2	['GAAGTGGGTCCTAAAAACTCTTACAYTGCATACATAGAAGATCACAGTGGC']
986	NM_007255.2(B4GALT7):c.617T>C (p.Leu206Pro)	11285	B4GALT7	['ACCTATGTCGGCGGCATCCTGCTGCYCTCCAAGCAGCACTACCGGCTGGTG']
987	NM_000030.2(AGXT):c.613T>C (p.Ser205Pro)	189	AGXT	['ATCTACAGGCATCGACATCCTGTACYCGGGCTCCCAGAAGGCCCTGAACGC']
988	NM_000030.2(AGXT):c.731T>C (p.Ile244Thr)	189	AGXT	['AAGCCCTTCTCCTTCTACCTGGACAYCAAGTGGCTGGCCAACTTCTGGGGC']
989	NM_201253.2(CRB1):c.3122T>C (p.Met1041Thr)	23418	CRB1	['ACATGGCACGAAGTGACCCTTTCCAYGACAGACCCACTGTCCCAGACCTCC']
990	NM_201253.2(CRB1):c.3541T>C (p.Cys1181Arg)	23418	CRB1	['ACACTGTGAACTCAACATCGATGAAYGCTTTTCAAACCCCTGTATCCATGG']
991	NM_005094.3(SLC27A4):c.739T>C (p.Ser247Pro)	10999	SLC27A4	['AGATAAACTGTTCTACATCTACACAYCCGGCACCACAGGGCTGCCCAAGGC']
992	NM_032551.4(KISS1R):c.443T>C (p.Leu148Ser)	84634	KISS1R	['CGCTGGTACGTGACGGTGTTCCCGTYGCGCGCCCTGCACCGCCGCACGCCC']
993	NM_032551.4(KISS1R):c.305T>C (p.Leu102Pro)	84634	KISS1R	['TGCTGCGTCCCCTTCACGGCCCTGCYGTACCCGCTGCCCGGCTGGGTGCTG']
994	NM_014270.4(SLC7A9):c.131T>C (p.Ile44Thr)	11136	SLC7A9	['ATCTCCATCATCGTGGGCACCATCAYTGGCTCTGGGATCTTCGTTTCCCCC']
995	NM_003332.3(TYROBP):c.2T>C (p.Met1Thr)	7305	TYROBP	['TGGTGTCCAGCAGCATCCGGCTTCAYGGGGGGACTTGAACCCTGCAGCAGG']
996	NM_000843.3(GRM6):c.1214T>	-1	-	['CAGGAGGGCAAGGTGCAGTTTGTGAYTGAT

【表６－１６】

	C (p.Ile405Thr)			GCGGTGTACGCCATTGCCCAC']
997	NM_022336.3(EDAR):c.259T>C (p.Cys87Arg)	10913	EDAR	['GTTTTCCAAAGGAGGCTACCAGATAYGCAG GCGTCACAAAGACTGTGAGGG']
998	NM_003835.3(RGS9):c.895T>C (p.Trp299Arg)	8787	RGS9	['CCCAACCAAGATGCGAGTGGAACGAYGGGC CTTCAACTTCAGCGAATTGAT']
999	NM_004870.3(MPDU1):c.356T> C (p.Leu119Pro)	9526	MPDU1	['CTCCAGACGATCACCATCTGCTTCCYGGTCA TGCACTACAGAGGACAGACT']
1000	NM_004870.3(MPDU1):c.2T>C (p.Met1Thr)	9526	MPDU1	['ACTGGCGGAAGCTAGCTTTGCAATAYGGCG GCCGAGGCGGACGGACCGCTT']
1001	NM_004870.3(MPDU1):c.221T> C (p.Leu74Ser)	9526	MPDU1	['CTGGGAGCCAAGAGTGCTGAAGGGTYGAGT CTCCAGTCTGTAATGCTGGAG']
1002	NM_000334.4(SCN4A):c.2078T >C (p.Ile693Thr)	6329	SCN4A	['ACGCTGAACATGCTCATCAAGATCAYTGGC AATTCAGTGGGGGCGCTGGGT']
1003	NM_006580.3(CLDN16):c.500T >C (p.Leu167Pro)	10686	CLDN16	['GCTGGGTTTGGATTTCTCACCCTGCYCCTTG GTCTTGACTGCGTGAAATTC']
1004	NM_006580.3(CLDN16):c.434T >C (p.Leu145Pro)	10686	CLDN16	['ATATGCCCTGGTCTTCCAGTGAAGCYGGTGG TAACTCGAGCGTTGATGATT']
1005	NM_003907.2(EIF2B5):c.1882T >C (p.Trp628Arg)	8893	EIF2B5	['CTTTCTTCCATAGCTGCTAAAGGCCYGGAGC CCTGTTTTTAGGAACTACAT']
1006	NM_183235.2(RAB27A):c.389T >C (p.Leu130Pro)	5873	RAB27A	['TATTGTGAAAACCCAGATATAGTGCYGTGTG GAAACAAGAGTGATCTGGAG']
1007	NM_001128227.2(GNE):c.2228 T>C (p.Met743Thr)	10020	GNE	['CCCGCCCTGCTGGGTGCTGCCAGCAYGGTTC TGGACTACACAACACGCAGG']
1008	NM_004273.4(CHST3):c.776T> C (p.Leu259Pro)	9469	CHST3	['CGCTGCGGCCCCCTCAACGTGACGCYGGCC GCAGAGGCCTGCCGCCGCAAG']
1009	NM_004273.4(CHST3):c.920T> C (p.Leu307Pro)	9469	CHST3	['CTGGTGCGCGACCCCCGGGCCGTGCYGGCC TCGCGCATGGTGGCCTTCGCC']
1010	NM_004273.4(CHST3):c.857T> C (p.Leu286Pro)	9469	CHST3	['CGGCAGCTGGAGTTCCTGCAGCCGCYGGCC GAGGACCCCCGCCTGGACCTG']
1011	NM_172201.1(KCNE2):c.161T> C (p.Met54Thr)	9992	KCNE2	['TTCTACTATGTCATCCTGTACCTCAYGGTGA TGATTGGAATGTTCTCTTTC']
1012	NM_172201.1(KCNE2):c.170T> C (p.Ile57Thr)	9992	KCNE2	['GTCATCCTGTACCTCATGGTGATGAYTGGAA TGTTCTCTTTCATCATCGTG']
1013	NM_172201.1(KCNE2):c.178T> C (p.Phe60Leu)	9992	KCNE2	['GTACCTCATGGTGATGATTGGAATGHTCTCT TTCATCATCGTGGCCATCCT']
1014	NM_001139.2(ALOX12B):c.127 7T>C (p.Leu426Pro)	242	ALOX12B	['TCATCCTCCTTGCTCTCCCCACAGCYCCTCA TCCCCCATACCCGATACACC']
1015	NM_003640.3(IKBKAP):c.2204 +6T>C	8518	IKBKAP	['ATTCGGAAGTGGTTGGACAAGTAAGYGCCA TTGTACTGTTTGCGACTAGTT']
1016	NM_005413.3(SIX3):c.749T>C (p.Val250Ala)	6496	SIX3	['GCCACCGGCCTCACTCCCACACAAGYAGGC AACTGGTTTAAGAACCGGCGG']
1017	NM_004820.3(CYP7B1):c.647T >C (p.Phe216Ser)	9420	CYP7B1	['TTTATTAGTGAGCTAAGAGATGATTYTTTAA AATTTGATGACAAGTTTGCA']
1018	NM_194248.2(OTOF):c.3032T>	9381	OTOF	['CTGTGTCCCACCTGGGACCAGATGCYGGTGT

【表６－１７】

	C (p.Leu1011Pro)			TCGACAACCTGGAGCTCTAT']
1019	NM_194248.2(OTOF):c.1544T>C (p.Ile515Thr)	9381	OTOF	['GACGTGGCCATCGGCACCCACTTCAYTGACCTGCGCAAGATTTCTAATGAC']
1020	NM_004737.4(LARGE):c.1483T>C (p.Trp495Arg)	9215	LARGE	['GATGCTGGAGGCCATCTGCAAGCACYGGGAGGGGCCCATCAGCCTGGCCCT']
1021	NM_002420.5(TRPM1):c.296T>C (p.Leu99Pro)	4308	TRPM1	['GAGGCCTCCATGCACAGATATTAAGRGCTTGGGGAGTTCCAGCTGCCAATC']
1022	NM_004700.3(KCNQ4):c.842T>C (p.Leu281Ser)	9132	KCNQ4	['ACCTGTTTGTGTCTCCAGATTACATYGACAACCATCGGCTATGGTGACAAG']
1023	NM_003839.3(TNFRSF11A):c.523T>C (p.Cys175Arg)	8792	TNFRSF11A	['ACTGAACCACCTTTTCCCCCACAGCYGTACCTTCCTTGGAAAGAGAGTAGA']
1024	NM_030761.4(WNT4):c.35T>C (p.Leu12Pro)	54361	WNT4	['CGCTCGTGCCTGCGTTCGCTGCGCCYCCTCGTCTTCGCCGTCTTCTCAGCC']
1025	NM_000050.4(ASS1):c.535T>C (p.Trp179Arg)	445	ASS1	['CATCCCGGTCACTCCCAAGAACCCGYGGAGCATGGATGAGAACCTCATGCA']
1026	NM_002977.3(SCN9A):c.2543T>C (p.Ile848Thr)	-1	-	['ACATTGAACATGCTGATTAAGATCAYTGGTAACTCAGTAGGGGCTCTAGGT']
1027	NM_002977.3(SCN9A):c.4382T>C (p.Ile1461Thr)	-1	-	['TTTCTTTACCTTGGAGGTCAAGACAYCTTTATGACAGAAGAACAGAAGAAA']
1028	NM_002977.3(SCN9A):c.647T>C (p.Phe216Ser)	6335	SCN9A	['GGCAATGTTTCAGCTCTTCGAACTTYCAGAGTATTGAGAGCTTTGAAAACT']
1029	NM_003880.3(WISP3):c.232T>C (p.Cys78Arg)	8838	WISP3	['AGATGGCTGTGGATGCTGTAAAATCYGTGCCAAGCAACCAGGGGAAATCTG']
1030	NM_003880.3(WISP3):c.1000T>C (p.Ser334Pro)	8838	WISP3	['TAAATGGAAGATGCTGTGGATTACAYCTTGTGTGTGTCAGAGAAACTGCAG']
1031	NM_001457.3(FLNB):c.703T>C (p.Ser235Pro)	2317	FLNB	['CGAGCACTCAGTTATGACTTACCTGYCCCAGTTCCCCAAAGCCAAGCTCAA']
1032 - 1036	NM_003060.3(SLC22A5):c.1051T>C (p.Trp351Arg)	6584	SLC22A5	['GATTTGTTACTGACAAGGCCTAGGGNAAGTTTTCACAGCCTAAAACACAGT', 'TACAAGACCTAAGTTCCAAGAAGCARCAGTCCCACAACATTCTGGATCTGC', 'GGTCACCATCATGTCCATAATGCTGYGGTATGTAAAAGAGACCTGCCTGAG', 'ATGCCTCAGACAAAATTCAAAGCCTRTGTCATCAGAGAGTGAAAAGGATAT', 'GGCTGTTGTGGGAAATATGGACTCTYGTGGGGAATCTCTCCAGATCTTAAG']
1037	NM_000369.2(TSHR):c.1891T>C (p.Phe631Leu)	7253	TSHR	['TGCCAAGAGGATGGCTGTGTTGATCYTCACCGACTTCATATGCATGGCCCC']
1038	NM_000369.2(TSHR):c.1358T>C (p.Met453Thr)	7253	TSHR	['AAACTGAACGTCCCCCGCTTTCTCAYGTGCAACCTGGCCTTTGCGGATTTC']
1039	NM_000369.2(TSHR):c.1526T>C (p.Val509Ala)	7253	TSHR	['ACTGTCTTTGCAAGCGAGTTATCGGYGTATACGCTGACGGTCATCACCCTG']
1040	NM_000369.2(TSHR):c.1798T>	7253	TSHR	['AGTTGCCTTCGTCATCGTCTGCTGCYGTTAT

【表６－１８】

	C (p.Cys600Arg)			GTGAAGATCTACATCACAGT']
1041	NM_000369.2(TSHR):c.1400T>C (p.Leu467Pro)	7253	TSHR	['GCGGATTTCTGCATGGGGATGTACCYGCTCCTCATCGCCTCTGTAGACCTC']
1042	NM_001003722.1(GLE1):c.2051T>C (p.Ile684Thr)	2733	GLE1	['CAGAAATGTTTGCAACACAAGGACAYTCCTGTCCCCAAGGGCTTTCTGACT']
1043	NM_024009.2(GJB3):c.101T>C (p.Leu34Pro)	2707	GJB3	['TCCGTGGTGTTCGTCTTCCGGGTGCYGGTATACGTGGTGGCTGCAGAGCGC']
1044	NM_001080463.1(DYNC2H1):c.3719T>C (p.Ile1240Thr)	79659	DYNC2H1	['GATTTGCTCAGAGTAGCTGATACAAYTGTAGCCAAAGCTGCCGACCTTAAA']
1045	NM_018129.3(PNPO):c.784T>C (p.Ter262Gln)	55163	PNPO	['CTGGCTCTATGAGAGACTTGCACCTYAACTCTGGGACCTGCTGGCCCAGAG']
1046	NM_003722.4(TP63):c.1033T>C (p.Cys345Arg)	8626	TP63	['CCGACGCTGCTTTGAGGCCCGGATCYGTGCTTGCCCAGGAAGAGACAGGAA']
1047	NM_003722.4(TP63):c.1646T>C (p.Ile549Thr)	8626	TP63	['CCTCCGTATCCCACAGATTGCAGCAYTGTCAGGTGAGTCCACAGCATGTGC']
1048	NM_003722.4(TP63):c.1738T>C (p.Ser580Pro)	8626	TP63	['CACCATCTATCAGATTGAGCATTACBCCATGGATGTAAGTAACTGTTAGAC']
1049	NM_004086.2(COCH):c.349T>C (p.Trp117Arg)	-1	-	['CATCCAGTCTCAAATGCTTTCTAGAYGGTCTGCTTCTTTCACAGTAACTAG']
1050	NM_004086.2(COCH):c.1535T>C (p.Met512Thr)	-1	-	['GCACCTCTGGATGACCTGAAAGATAYGGCTTCTAAACCGAAGGAGTCTCAT']
1051	NM_006412.3(AGPAT2):c.683T>C (p.Leu228Pro)	10555	AGPAT2	['ACAGGAACAGTCACAGTGCAGGTGCYGGAAGCCATCCCCACCAGCGGCCTC']
1052	NM_003659.3(AGPS):c.1406T>C (p.Leu469Pro)	8540	AGPS	['AATCAGCTAAGTGTAGCCACATTACYGTTTGAGGGGGATCGTGAGAAGGTT']
1053	NM_004550.4(NDUFS2):c.1237T>C (p.Ser413Pro)	4720	NDUFS2	['GGGAGAGTTTGGGGTGTACCTGGTGYCTGATGGCAGCAGCCGCCCTTATCG']
1054	NM_006892.3(DNMT3B):c.808T>C (p.Ser270Pro)	1789	DNMT3B	['CCAGTGGTTTGGCGATGGCAAGTTCYCCGAGGTGAGTCCGGGGAAGGGCAA']
1055	NM_002538.3(OCLN):c.656T>C (p.Phe219Ser)	100506658	OCLN	['CAAATATATGCCCTCTGCAACCAATYTTATACACCTGCAGCTACTGGACTC']
1056	NM_001211.5(BUB1B):c.3035T>C (p.Leu1012Pro)	-1	-	['AATGATGAGGCCACAGTGTCTGTTCYTGGGGAGCTTGCAGCAGAAATGAAT']
1057	NM_016203.3(PRKAG2):c.1459T>C (p.Tyr487His)	51422	PRKAG2	['ACAGAATCTTGCTGCTGAGAAAACAYACAATAACCTAGATATCACGGTGAC']
1058	NM_016203.3(PRKAG2):c.1642T>C (p.Ser548Pro)	51422	PRKAG2	['TAGTATTGTGGGTATTATTTCCCTGYCGGACATTCTGCAAGCCCTGATCCT']
1059	NM_001287.5(CLCN7):c.2297T>C (p.Leu766Pro)	1186	CLCN7	['TTCAAGCTGTTCCGGGCCCTGGGCCYGCGGCACCTGGTGGTGGTGGACAAC']
1060	NM_004646.3(NPHS1):c.793T>C (p.Cys265Arg)	4868	NPHS1	['GGCAGGACAGAGCTTGGAGCTGCCGYGCGTGGCCCGAGGGGGTAATCCCTT']
1061	NM_003002.3(SDHD):c.416T>C (p.Leu139Pro)	6392	SDHD	['CTTTCAGCTTTAACCTTTGCTGGGCYTTGCTATTTCAACTATCACGATGTG']
1062	NM_001164277.1(SLC37A4):c.3	2542	SLC37A4	['TAATGGCCTGGCCCAGGGGCTGGGCYGGCC

【表６－１９】

	52T>C (p.Trp118Arg)			CCCATGTGGGAAGGTCCTGCG']
1063	NM_002546.3(TNFRSF11B):c.349T>C (p.Phe117Leu)	4982	TNFRSF11B	['GGAAGGGCGCTACCTTGAGATAGAGYTCTGCTTGAAACATAGGAGCTGCCC']
1064	NM_005422.2(TECTA):c.5509T>C (p.Cys1837Arg)	7007	TECTA	['GGGCGTGAGGATCAATGACAGACAGBGCACCGGCATCGAGGGGGAAGATTT']
1065	NM_007262.4(PARK7):c.497T>C (p.Leu166Pro)	11315	PARK7	['CCTGGGACCAGCTTCGAGTTTGCGCYTGCAATTGTTGAAGCCCTGAATGGC']
1066	NM_006009.3(TUBA1A):c.1190T>C (p.Leu397Pro)	7846	TUBA1A	['GCTCGCCTGGACCACAAGTTTGACCYGATGTATGCCAAACGTGCCTTTGTT']
1067	NM_002700.2(POU4F3):c.668T>C (p.Leu223Pro)	5459	POU4F3	['CTCAAGATCCCCGGCGTGGGCTCGCYGAGCCAAAGCACCATCTGCAGGTTC']
1068	NM_005025.4(SERPINI1):c.145T>C (p.Ser49Pro)	5274	SERPINI1	['TGGTGAAGATGAAAATATTCTCTTCYCTCCATTGAGTATTGCTCTTGCAAT']
1069	NM_001040667.2(HSF4):c.341T>C (p.Leu114Pro)	3299	HSF4	['TTCGTGCGCGGCCGCGAGCAGCTACYGGAGCGCGTGCGGCGCAAGGTGGGG']
1070	NM_002942.4(ROBO2):c.2834T>C (p.Ile945Thr)	6092	ROBO2	['AATAGCAACAGTGGCCCAAATGAGAYTGGAAATTTTGGCCGTGGAGGTAAG']
1071	NM_000492.3(CFTR):c.3857T>C (p.Phe1286Ser)	1080	CFTR	['ACTTTGCAACAGTGGAGGAAAGCCTYTGGAGTGATACCACAGGTGAGCAAA']
1072	NM_000492.3(CFTR):c.3763T>C (p.Ser1255Pro)	1080	CFTR	['TGGATCAGGGAAGAGTACTTTGTTAYCAGCTTTTTTGAGACTACTGAACAC']
1073	NM_000492.3(CFTR):c.3194T>C (p.Leu1065Pro)	1080	CFTR	['ACAAGCTTAAAAGGACTATGGACACBTCGTGCCTTCGGACGGCAGCCTTAC']
1074	NM_000492.3(CFTR):c.3469-20T>C	1080	CFTR	['TGTCTGCCATTCTTAAAAACAAAAAYGTTGTTATTTTTATTTCAGATGCGA']
1075	NM_005603.4(ATP8B1):c.863T>C (p.Leu288Ser)	5205	ATP8B1	['TTTTGGAGAAACACAAGTTTTCCTTYGGATGCTGATAAAATTTTGTTACGT']
1076	NM_005603.4(ATP8B1):c.2097+2T>C	5205	ATP8B1	['GAGGAGATTGAAAAAGACTTAATTGYGAGTTTTAGCCTTAATAACTTTTTC']
1077	NM_005603.4(ATP8B1):c.1982T>C (p.Ile661Thr)	5205	ATP8B1	['ACCCTATGCCTTTGCTACAAGGAAAYTGAAGAAAAAGAATTTACAGAATGG']
1078	NM_005144.4(HR):c.-320T>C	55806	HR	['CGCAGCACGGAGTCTCGGCGTCCCAYGGCGCAACCTACGGCCTCGGCCCAG']
1079	NM_003322.4(TULP1):c.1471T>C (p.Phe491Leu)	7287	TULP1	['GGTCACCCAGGCCTCAGTCAAGAACYTCCAGATTGTCCACGCTGATGACCG']
1080	NM_003322.4(TULP1):c.1145T>C (p.Phe382Ser)	7287	TULP1	['CTCCTGGGGAACCGCTTCACGGTCTYTGACAACGGGCAGAACCCACAGCGT']
1081	NM_000455.4(STK11):c.200T>C (p.Leu67Pro)	6794	STK11	['TCTTACGGCAAGGTGAAGGAGGTGCYGGACTCGGAGACGCTGTGCAGGAGG']
1082	NM_002241.4(KCNJ10):c.418T>C (p.Cys140Arg)	3766	KCNJ10	['TGGCTTCCGCTACATCAGTGAGGAAYGTCCACTGGCCATTGTGCTTCTTAT']
1083	NM_001172567.1(MYD88):c.317T>C (p.Leu106Pro)	4615	MYD88	['TCTGTAGGCCGACTGCTCGAGCTGCYTACCAAGCTGGGCCGCGACGACGTG']
1084	NM_000466.2(PEX1):c.1991T>	5189	PEX1	['CCATCTGTTGTCCTGCTGGATGACCYTGACC

【表６－２０】

	C (p.Leu664Pro)			TCATTGCTGGACTGCCTGCT']
1085	NM_001303.3(COX10):c.2T>C (p.Met1Thr)	1352	COX10	['GGAGCGGCCCCAGACTCGTAAATTAYGGCC GCATCTCCGCACACTCTCTCC']
1086	NM_001300.5(KLF6):c.346T>C (p.Ser116Pro)	1316	KLF6	['TGTCAGCAGCGAATCCTCTGACAGCYCCGA GGAACTTTCTCCCACGGCCAA']
1087	NM_001300.5(KLF6):c.190T>C (p.Trp64Arg)	1316	KLF6	['CAAATTTGACAGCCAGGAAGATCTGYGGAC CAAAATCATTCTGGCTCGGGA']
1088	NM_001300.5(KLF6):c.506T>C (p.Leu169Pro)	1316	KLF6	['CTGTGGGGTTGCGTGCCCGGGGAGCYGCCC TCGCCAGGGAAGGTGCGCAGC']
1089	NM_000085.4(CLCNKB):c.1294 T>C (p.Tyr432His)	1188	CLCNKB	['CGGGTACTTCATGCCCATCTTTGTCYATGGT GAGTCTGGGGTCCTGAGGTT']
1090	NM_000214.2(JAG1):c.110T>C (p.Leu37Ser)	182	JAG1	['TGTGGGGCCTCGGGTCAGTTCGAGTYGGAG ATCCTGTCCATGCAGAACGTG']
1091	NM_003865.2(HESX1):c.77T>C (p.Ile26Thr)	8820	HESX1	['ACTTGCTCCTTTTCAATTGAGAGAAYCTTAG GACTGGACCAGAAGAAAGAC']
1092	NM_003865.2(HESX1):c.357+2 T>C	8820	HESX1	['TCATTATTGGGTGAAAAAACTTCCCDCCTGG TTTTGAGTAAAAGCAGTTCT']
1093	NM_002618.3(PEX13):c.977T> C (p.Ile326Thr)	5194	PEX13	['CTTGATGGCCAAACAACAGGACTTAYACCT GCGAATTATGTCAAAATTCTT']
1094	NM_000303.2(PMM2):c.395T> C (p.Ile132Thr)	5373	PMM2	['AATGGGATGTTAAACGTGTCCCCTAYTGGA AGAAGCTGCAGCCAAGAAGAA']
1095	NM_000303.2(PMM2):c.131T> C (p.Val44Ala)	5373	PMM2	['AGGCAGAAGATCAAAATCGGAGTGGYAGGC GGATCGGACTTTGAGAAAGTG']
1096	NM_000104.3(CYP1B1):c.2T>C (p.Met1Thr)	1545	CYP1B1	['CGCCTTCTCCTCTCTGTCCCCAGCAYGGGCA CCAGCCTCAGCCCGAACGAC']
1097	NM_032977.3(CASP10):c.440T >C (p.Met147Thr)	843	CASP10	['AAAGACTCGCTTCCCAAAACTGAAAYGGTG AGTGGGTCATACAGAATGGGT']
1098	NM_003999.2(OSMR):c.2072T> C (p.Ile691Thr)	9180	OSMR	['GGTTCAGAATGTTGCAAATACAAAAYTGAC AACCCGGAAGAAAAGGCATTG']
1099	NM_000314.6(PTEN):c.370T>C (p.Cys124Arg)	5728	PTEN	['TGACAATCATGTTGCAGCAATTCACBGTAAA GCTGGAAAGGGACGAACTGG']
1100	NM_000314.6(PTEN):c.209T>C (p.Leu70Pro)	5728	PTEN	['AAAAACCATTACAAGATATACAATCYGTAA GTATGTTTTCTTATTTGTATG']
1101	NM_000314.6(PTEN):c.335T>C (p.Leu112Pro)	5728	PTEN	['TTTTGTGAAGATCTTGACCAATGGCYAAGTG AAGATGACAATCATGTTGCA']
1102	NM_000314.6(PTEN):c.722T>C (p.Phe241Ser)	5728	PTEN	['CGACGGGAAGACAAGTTCATGTACTYTGAG TTCCCTCAGCCGTTACCTGTG']
1103	NM_006949.3(STXBP2):c.626T >C (p.Leu209Pro)	6813	STXBP2	['TTGGCCCACGCCGTCCTGGCCAAGCHGAAC GCCTTCAAGGCAGACACTCCC']
1104	NM_000358.2(TGFBI):c.1619T> C (p.Phe540Ser)	7045	TGFBI	['AACCGGGAAGGAGTCTACACAGTCTYTGCT CCCACAAATGAAGCCTTCCGA']
1105	NM_000350.2(ABCA4):c.1622T >C (p.Leu541Pro)	24	ABCA4	['CAGCTCACCCAACGTGCCCTCTCTCYACTGG AGGAAAACATGTTCTGGGCC']
1106	NM_000350.2(ABCA4):c.5819T	24	ABCA4	['GGAAATAAAACTGACATCTTAAGGCYACAT

【表６－２１】

	>C (p.Leu1940Pro)			GAACTAACCAAGGTAAGGGAA']
1107	NM_000860.5(HPGD):c.577T>C (p.Ser193Pro)	3248	HPGD	['CTTTGTTAACACAGCCATCCTTGAAYCAATT GAAAAAGAAGAAAACATGGG']
1108	NM_000223.3(KRT12):c.386T> C (p.Met129Thr)	3859	KRT12	['CTTTCTGGATCAGAAAAAGAAACTAYGCAA AATCTTAATGATAGATTAGCT']
1109	NM_000503.5(EYA1):c.1459T> C (p.Ser487Pro)	2138	EYA1	['GTTGACACTGGCCCTGAAAGCACTCYCGCTC ATTCACTCCCGGTGAGGCTC']
1110	NM_000261.1(MYOC):c.1309T >C (p.Tyr437His)	4653	MYOC	['TGCCTTCATCATCTGTGGCACCTTGYACACC GTCAGCAGCTACACCTCAGC']
1111	NM_000261.1(MYOC):c.1297T >C (p.Cys433Arg)	4653	MYOC	['GTCAGTCGCCAATGCCTTCATCATCYGTGGC ACCTTGTACACCGTCAGCAG']
1112	NM_130838.1(UBE3A):c.389T> C (p.Ile130Thr)	7337	UBE3A	['GATTATTCCCCTTTAATCCGTGTTAYTGGAA GAGTTTTTTCTAGTGCTGAG']
1113	NM_000474.3(TWIST1):c.392T >C (p.Leu131Pro)	7291	TWIST1	['TCGCTGAACGAGGCGTTCGCCGCGCYGCGG AAGATCATCCCCACGCTGCCC']
1114	NM_000192.3(TBX5):c.161T>C (p.Ile54Thr)	6910	TBX5	['TCCTTCTTGCAGGGCATGGAGGGAAYCAAA GTGTTTCTCCATGAAAGAGAA']
1115	NM_002905.3(RDH5):c.841T>C (p.Tyr281His)	-1	-	['GACTGCTCGACACCCCCGAACCCGCBACAG CCCAGGTTGGGATGCCAAGCT']
1116	NM_001089.2(ABCA3):c.302T> C (p.Leu101Pro)	21	ABCA3	['GTCACTGAGACAGTGCGCAGGGCACYTGTG ATCAACATGCGAGGTGAGACA']
1117	NM_001089.2(ABCA3):c.4658T >C (p.Leu1553Pro)	21	ABCA3	['ATGGACCCCGTGGCCCGGCGCCTGCYTTGG GACACCGTGGCACGAGCCCGA']
1118	NM_001089.2(ABCA3):c.977T> C (p.Leu326Pro)	21	ABCA3	['ATCGCCGCCTCCTTCATGACCCTGCYCTTCT GTGTCAAGGTGAGCATGGCG']
1119	NM_005535.2(IL12RB1):c.592T >C (p.Cys198Arg)	3594	IL12RB1	['CTGCCTCTCCCCAGAGTCCTGCCTCYGCCCC CTGGAGATGAATGTGGCCCA']
1120	NM_005055.4(RAPSN):c.41T>C (p.Leu14Pro)	5913	RAPSN	['ACCAAGCAGCAGATCGAGAAGGGGCYCCAG CTGTACCAGTCCAACCAGACA']
1121	NM_005055.4(RAPSN):c.848T> C (p.Leu283Pro)	5913	RAPSN	['ATCATGACCGAGATCGGAAACCGCCYGGGG CAGGTGCAGGCGCTGCTGGGT']
1122	NM_005055.4(RAPSN):c.416T> C (p.Phe139Ser)	5913	RAPSN	['AATGCCTTCCTGGGCCTCAGCGTCTYCCAGA AGGCCCTGGAGAGCTTCGAG']
1123	NM_005570.3(LMAN1):c.2T>C (p.Met1Thr)	3998	LMAN1	['CTCCTCCGCGTTCCAGAATCCAAGAYGGCG GGATCCAGGCAAAGGGGTCTC']
1124	NM_000430.3(PAFAH1B1):c.50 5T>C (p.Ser169Pro)	5048	PAFAH1B 1	['CAGCGGCAAGCTTCTGGCTTCCTGTYCTGCA GATATGACCATTAAACTATG']
1125	NM_000430.3(PAFAH1B1):c.92 T>C (p.Phe31Ser)	5048	PAFAH1B 1	['GGCTATGAAGAGGCATATTCAGTTTYTAAA AAGGAAGCTGAATTAGATGTG']
1126	NM_006261.4(PROP1):c.263T> C (p.Phe88Ser)	5626	PROP1	['CAGTTGGAACAGCTGGAGTCAGCCTYTGGG AGGAACCAGTACCCCGACATC']
1127	NM_175929.2(FGF14):c.449T> C (p.Phe150Ser)	2259	FGF14	['GAACTTTTTACCCCTGAATGCAAGTYTAAAG AATCTGTTTTTGAAAATTAT']
1128	NM_004970.2(IGFALS):c.1618T	3483	IGFALS	['GTGGCTGGAGGGTAACCCCTGGGACYGTGG

【表６－２２】

	>C (p.Cys540Arg)			CTGCCCTCTCAAGGCGCTGCG']
1129	NM_005379.3(MYO1A):c.2728T>C (p.Ser910Pro)	4640	MYO1A	['CCCTTGCCTGTTCCGTCCCTAGACTYCTTCTCGGATTCTCCTCCTGACCAA']
1130	NM_006302.2(MOGS):c.1954T>C (p.Phe652Leu)	7841	MOGS	['GCACTGGGCCCCAGAGCTAGGAGTCYTTGCAGACTTTGGGAACCACACAAA']
1131	NM_001009944.2(PKD1):c.2534T>C (p.Leu845Ser)	5310	PKD1	['TACGTGCCCACCAACGGCTCAGCCTYGGTGCTCCAGGTGGACTCTGGTGCC']
1132	NM_004329.2(BMPR1A):c.370T>C (p.Cys124Arg)	657	BMPR1A	['AGCCCAGCTACGCCGGACAATAGAAYGTTGTCGGACCAATTTATGTAACCA']
1133	NM_004329.2(BMPR1A):c.1409T>C (p.Met470Thr)	657	BMPR1A	['CCGAGTGATCCGTCATACGAAGATAYGCGTGAGGTTGTGTGTGTCAAACGT']
1134	NM_000452.2(SLC10A2):c.728T>C (p.Leu243Pro)	6555	SLC10A2	['GTGGCGGGTTACTCCCTGGGGTTTCYTCTGGCTAGAATTGCTGGTCTACCC']
1135	NM_030662.3(MAP2K2):c.400T>C (p.Tyr134His)	5605	MAP2K2	['CAACTCGCCGTACATCGTGGGCTTCYACGGGGCCTTCTACAGTGACGGGGA']
1136	NM_033337.2(CAV3):c.260T>C (p.Leu87Pro)	859	CAV3	['CTGCTGGGCGTCCCACTGGCCCTGCHCTGGGGCTTCCTGTTCGCCTGCATC']
1137	NM_000388.3(CASR):c.2417T>C (p.Phe806Ser)	846	CASR	['CCGGAGAACTTCAATGAAGCCAAGTHCATCACCTTCAGCATGCTCATCTTC']
1138	NM_000388.3(CASR):c.382T>C (p.Phe128Leu)	846	CASR	['AATTGATTCTTTGAACCTTGATGAGYTCTGCAACTGCTCAGAGCACATTCC']
1139	NM_000388.3(CASR):c.1835T>C (p.Phe612Ser)	846	CASR	['GAGTTTCTGTCGTGGACGGAGCCCTYTGGGATCGCACTCACCCTCTTTGCC']
1140	NM_000388.3(CASR):c.2641T>C (p.Phe881Leu)	846	CASR	['GCGTTGCAGCACCGCAGCTCACGCTYTCAAGGTGGCTGCCCGGGCCACGCT']
1141	NM_000388.3(CASR):c.374T>C (p.Leu125Pro)	846	CASR	['CAAAACAAAATTGATTCTTTGAACCYTGATGAGTTCTGCAACTGCTCAGAG']
1142	NM_000388.3(CASR):c.2362T>C (p.Phe788Leu)	846	CASR	['CACCTGCCTGCTGGCTGCCATCTGCYTCTTCTTTGCCTTCAAGTCCCGGAA']
1143	NM_000388.3(CASR):c.38T>C (p.Leu13Pro)	846	CASR	['AGCTGCTGCTGGGTCCTCTTGGCACYCACCTGGCACACCTCTGCCTACGGG']
1144	NM_030653.3(DDX11):c.2271+2T>C	1663	DDX11	['CTGGCATATTCCAGGTGCATCCAGGYGCGGGCGTCATGCTGGGCTTGGGTC']
1145	NM_001001557.2(GDF6):c.866T>C (p.Leu289Pro)	392255	GDF6	['TTCACCAGATCCCAGCGCAAGAACCYGTTCGCAGAGATGCGCGAGCAGCTG']
1146	NM_000557.4(GDF5):c.1322T>C (p.Leu441Pro)	-1	-	['TGCGAGTTCCCATTGCGCTCCCACCYGGAGCCCACGAATCATGCAGTCATC']
1147	NM_000392.4(ABCC2):c.1967+2T>C	1244	ABCC2	['TGATTCGGAAGCCACAGTCCGAGAGYGAGTTGCCTTCTTTCCATCCTAATG']
1148	NM_000396.3(CTSK):c.926T>C (p.Leu309Pro)	1513	CTSK	['AACTGGGGAAACAAAGGATATATCCYCATGGCTCGAAATAAGAACAACGCC']
1149	NM_000304.3(PMP22):c.47T>C (p.Leu16Pro)	5376	PMP22	['ATCATCGTCCTCCACGTCGCGGTGCYGGTGCTGCTGTTCGTCTCCACGATC']
1150	NM_000304.3(PMP22):c.82T>C	5376	PMP22	['ATATCTATCTGATTCTCTCTAGCAAYGGATC

【表６－２３】

	(p.Trp28Arg)			GTGGGCAATGGACACGCAAC']
1151	NM_001453.2(FOXC1):c.335T>C (p.Phe112Ser)	2296	FOXC1	['ATCTACCAGTTCATCATGGACCGCTHCCCCTTCTACCGGGACAACAAGCAG']
1152	NM_001451.2(FOXF1):c.1138T>C (p.Ter380Arg)	2294	FOXF1	['CCAAGACATCAAGCCTTGCGTGATGYGAGGCTGCCGCCGCAGGCCCTCCTG']
1153	NM_006432.3(NPC2):c.199T>C (p.Ser67Pro)	10577	NPC2	['CTCTTTTTTTCTCTTAGATATTCAGYCTAAAAGCAGCAAGGCCGTGGTGCA']
1154	NM_001127221.1(CACNA1A):c.2141T>C (p.Val714Ala)	773	CACNA1A	['CTGAATGTGTTCTTGGCCATCGCTGYGGACAATCTGGCCAACGCCCAGGAG']
1155	NM_001127221.1(CACNA1A):c.4469T>C (p.Phe1490Ser)	773	CACNA1A	['GGGTACCGCATGGAGATGTCCATTTYCTACGTCGTCTACTTTGTGGTGTTC']
1156	NM_001127221.1(CACNA1A):c.5126T>C (p.Ile1709Thr)	773	CACNA1A	['ATGCTCTTCTTCATCTATGCCATCAYTGGGATGCAGGTGAGTGTCGTGTCC']
1157	NM_000901.4(NR3C2):c.2771T>C (p.Leu924Pro)	4306	NR3C2	['CAGAGCTGGCAGAGGTTCTACCAACYGACCAAGCTGCTGGACTCCATGCAT']
1158	NM_000901.4(NR3C2):c.2936T>C (p.Leu979Pro)	4306	NR3C2	['GTGGAGTCGGGGAACGCCAAGCCGCYCTACTTCCACCGGAAGTGACTGCCC']
1159	NM_000339.2(SLC12A3):c.2576T>C (p.Leu859Pro)	6559	SLC12A3	['CTCACCCTCCTCATTCCCTATCTCCYTGGCCGCAAGAGGAGGTGGAGCAAA']
1160	NM_000339.2(SLC12A3):c.1261T>C (p.Cys421Arg)	6559	SLC12A3	['CTGGGGTGCCTGCGAGGGGCTGGCCYGCAGCTATGGCTGGAACTTCACCGA']
1161	NM_000339.2(SLC12A3):c.1868T>C (p.Leu623Pro)	6559	SLC12A3	['TCGGTACAGGCTGGCTCCTACAACCYGGCCCTCAGCTACTCGGTGGGCCTC']
1162	NM_000163.4(GHR):c.341T>C (p.Phe114Ser)	2690	GHR	['TCTGCTGGGGAAAACAGCTGTTACTYTAATTCATCGTTTACCTCCATCTGG']
1163	NM_000163.4(GHR):c.512T>C (p.Ile171Thr)	2690	GHR	['AGTTTAACTGGGATTCATGCAGATAYCCAAGTGAGATGGGAAGCACCACGC']
1164	NM_000525.3(KCNJ11):c.440T>C (p.Leu147Pro)	3767	KCNJ11	['ACTGAGGAGTGCCCACTGGCCATCCYGATCCTCATCGTGCAGAACATCGTG']
1165	NM_000525.3(KCNJ11):c.124T>C (p.Cys42Arg)	3767	KCNJ11	['CCGCTTTGTGTCCAAGAAAGGCAACYGCAACGTGGCCCACAAGAACATCCG']
1166	NM_001122764.1(PPOX):c.35T>C (p.Ile12Thr)	5498	PPOX	['ACCGTGGTCGTGCTGGGCGGAGGCAYCAGCGGCTTGGCCGCCAGTTACCAC']
1167	NM_000182.4(HADHA):c.1025T>C (p.Leu342Pro)	3030	HADHA	['AAAGAATCAAAGGCCTTGATGGGACYCTACCATGGTCAGGTCCTGTGCAAG']
1168	NM_003476.4(CSRP3):c.131T>C (p.Leu44Pro)	8048	CSRP3	['CTGGCAGTGGCCTGCAGGAAGGCTCYTGACAGCACGACAGTCGCGGCTCAT']
1169	NM_001204.6(BMPR2):c.367T>C (p.Cys123Arg)	659	BMPR2	['TTTCTGCTGTTGTAGCACAGATTTAHGTAATGTCAACTTTACTGAGAATTT']
1170	NM_000336.2(SCNN1B):c.1858T>C (p.Tyr620His)	6338	SCNN1B	['CATCCCAGGCACCCCGCCCCCCAACYATGACTCCCTGCGTCTGCAGCCGCT']
1171	NM_002181.3(IHH):c.569T>C (p.Val190Ala)	3549	IHH	['TCAAAGGCCCACGTGCATTGCTCCGYCAAGTCCGGTGAGCCGCCGCCGGGG']
1172	NM_000193.3(SHH):c.349T>C	6469	SHH	['TTTGGCCATCTCGGTGATGAACCAGBGGCCA

【表６－２４】

	(p.Trp117Arg)			GGAGTGAAACTGCGGGTGAC']
1173	NM_000193.3(SHH):c.995T>C (p.Val332Ala)	6469	SHH	['GACCGCCGGCTCCTGCCCGCCGCTGYGCAC AGCGTGACCCTAAGCGAGGAG']
1174	NM_000179.2(MSH6):c.2633T> C (p.Val878Ala)	2956	MSH6	['AAAATTATAGGGATCATGGAAGAAGBTGCT GATGGTTTTAAGTCTAAAATC']
1175	NM_000098.2(CPT2):c.1342T> C (p.Phe448Leu)	1376	CPT2	['AACCCTCACTATTGACTGCGTCCAGYTTCAG AGAGGAGGCAAAGAATTCCT']
1176	NM_007315.3(STAT1):c.2117T >C (p.Leu706Ser)	6772	STAT1	['GGAACTGGATATATCAAGACTGAGTYGATT TCTGTGTCTGAAGTGTAAGTG']
1177	NM_007315.3(STAT1):c.1799T >C (p.Leu600Pro)	6772	STAT1	['AAGGACCAGCAGCCGGGGACCTTCCYGCTG CGGTTCAGTGAGAGCTCCCGG']
1178	NM_024420.2(PLA2G4A):c.331 T>C (p.Ser111Pro)	5321	PLA2G4A	['AGGGACAGCAACATTTACTGTATCTYCTATG AAGGTGGGAGAAAAGAAAGA']
1179	NM_000352.4(ABCC8):c.394T> C (p.Phe132Leu)	6833	ABCC8	['CTATCACAACATCGAGACTTCCAACBTCCCC AAGCTGCTAATTGGTAGGTG']
1180	NM_033163.3(FGF8):c.118T>C (p.Phe40Leu)	2253	FGF8	['GCTGGGCAGGGAGCTCGCTTCCCTGYTCCGG GCTGGCCGGGAGCCCCAGGG']
1181	NM_153767.3(KCNJ1):c.1013T >C (p.Met338Thr)	3758	KCNJ1	['AACATCTTTCTCATTATAAAGGCACRTGGCA CAGTGAGGGGTCTCCACTTC']
1182	NM_000095.2(COMP):c.982T> C (p.Cys328Arg)	1311	COMP	['AACCCACCCTGTCATCCAGGACAACYGCCC GCTGGTGCGGAACCCAGACCA']
1183	NM_000095.2(COMP):c.1042T> C (p.Cys348Arg)	1311	COMP	['GGACGAGGACAAGTGGGGCGATGCGYGCGA CAACTGCCGGTCCCAGAAGAA']
1184	NM_002047.2(GARS):c.548T>C (p.Leu183Pro)	2617	GARS	['ATCCTGGAGATCGATTGCACCATGCYCACCC CTGAGCCAGTTTTAAAGTGA']
1185	NM_000435.2(NOTCH3):c.1363 T>C (p.Cys455Arg)	4854	NOTCH3	['CCTCGACCGCATAGGCCAGTTCACCYGTATC TGTATGGCAGGTGGGTGGTG']
1186	NM_001166107.1(HMGCS2):c.5 20T>C (p.Phe174Leu)	3158	HMGCS2	['CTGCTACGGTGGTACTGCCTCCCTCYTCAAT GCTGCCAACTGGATGGAGTC']
1187	NM_001038.5(SCNN1A):c.1477 T>C (p.Trp493Arg)	6337	SCNN1A	['CCAGCTCTCTGCTGGTTACTCACGAYGGCCC TCGGTGACATCCCAGGTAGA']
1188	NM_000161.2(GCH1):c.662T>C (p.Met221Thr)	2643	GCH1	['ATGGTAATGCGAGGTGTACAGAAAAYGAAC AGCAAAACTGTGACCAGCACA']
1189	NM_000059.3(BRCA2):c.7529T >C (p.Leu2510Pro)	675	BRCA2	['CGCGTCTTTCCACAGCCAGGCAGTCYGTATC TTGCAAAAACATCCACTCTG']
1190	NM_000180.3(GUCY2D):c.1694 T>C (p.Phe565Ser)	3000	GUCY2D	['GGAGACAGGGTTTGGCTGAAGAAATYCCCA GGGGATCAGCACATAGCTATC']
1191	NM_000180.3(GUCY2D):c.2846 T>C (p.Ile949Thr)	3000	GUCY2D	['AATGGGCAGCGACACGCGGCAGAGAYCGCC AACATGTCACTGGACATCCTC']
1192	NM_198056.2(SCN5A):c.3963+ 2T>C	6331	SCN5A	['CTGTCACGATTTGAGGGCATGAGGGYAAGA GAGGTGGCTGCCTTCCCACCA']
1193	NM_000335.4(SCN5A):c.5380T >C (p.Tyr1794His)	6331	SCN5A	['GAGTGAGGACGACTTCGATATGTTCYATGA GATCTGGGAGAAATTTGACCC']
1194	NM_000023.2(SGCA):c.524T>C	6442	SGCA	['CCCGGAGAGCTTCAGCTGCTCAACGYCACCT

【表６－２５】

	(p.Val175Ala)			CTGCCTTGGACCGTGGGGGC']
1195	NM_002427.3(MMP13):c.224T>C (p.Phe75Ser)	4322	MMP13	['AGGCTCCGAGAAATGCAGTCTTTCTYCGGCTTAGAGGTGACTGGCAAACTT']
1196	NM_002427.3(MMP13):c.221T>C (p.Phe74Ser)	4322	MMP13	['GAGAGGCTCCGAGAAATGCAGTCTTYCTTCGGCTTAGAGGTGACTGGCAAA']
1197	NM_002427.3(MMP13):c.272T>C (p.Met91Thr)	4322	MMP13	['CTTGACGATAACACCTTAGATGTCAYGAAAAAGCCAAGATGCGGGGTTCCT']
1198	NM_004525.2(LRP2):c.7564T>C (p.Tyr2522His)	4036	LRP2	['CTCCTTTTGTATGACTAGGTACCTGYACTGGGCTGACTGGGATACACATGC']
1199	NM_000211.4(ITGB2):c.446T>C (p.Leu149Pro)	3689	ITGB2	['GATGACCTCAGGAATGTCAAGAAGCYAGGTGGCGACCTGCTCCGGGCCCTC']
1200	NM_000211.4(ITGB2):c.412T>C (p.Ser138Pro)	3689	ITGB2	['GTACTATCTGATGGACCTCTCCTACYCCATGCTTGATGACCTCAGGAATGT']
1201	NM_005502.3(ABCA1):c.4429T>C (p.Cys1477Arg)	19	ABCA1	['CAAAATCAAGAAGATGCTGCCTGTGYGTCCCCCAGGGGCAGGGGGGCTGCC']
1202	NM_005502.3(ABCA1):c.6026T>C (p.Phe2009Ser)	19	ABCA1	['TTGACTGGGAGAGAACACGTGGAGTYCTTTGCCCTTTTGAGAGGAGTCCCA']
1203	NM_130439.3(MXI1):c.552+2T>C	4601	MXI1	['AACAAAGCCAAAGCACACATCAAGGYGAGAATTTTTACTTTCAGATTTGCA']
1204	m.5874T>C	4579	MT-TY	['GTCTTTAGATTTACAGTCCAATGCTYCACTCAGCCATTTTACCTCACCCCC']
1205	m.7512T>C	4574	MT-TS1	['CCAACCCCATGGCCTCCATGACTTTYTCAAAAAGGTATTAGAAAAACCATT']
1206	m.7510T>C	4574	MT-TS1	['AGCCAACCCCATGGCCTCCATGACTYTTTCAAAAAGGTATTAGAAAAACCA']
1207	m.7511T>C	4574	MT-TS1	['GCCAACCCCATGGCCTCCATGACTTYTTCAAAAAGGTATTAGAAAAACCAT']
1208	m.616T>C	4558	MT-TF	['CCTCCTCAAAGCAATACACTGAAAABGTTTAGACGGGCTCACATCACCCCA']
1209	m.4409T>C	4569	MT-TM	['TATCACACCCCATCCTAAAGTAAGGYCAGCTAAATAAGCTATCGGGCCCAT']
1210	m.8356T>C	4566	MT-TK	['AAAGATTAAGAGAACCAACACCTCTYTACAGTGAAATGCCCCAACTAAATA']
1211	m.12297T>C	4568	MT-TL2	['AAAGGATAACAGCTATCCATTGGTCYTAGGCCCCAAAAATTTTGGTGCAAC']
1212	m.3271T>C	4567	MT-TL1	['CCGGTAATCGCATAAAACTTAAAACYTTACAGTCAGAGGTTCAATTCCTCT']
1213	m.3250T>C	4567	MT-TL1	['GGTTTGTTAAGATGGCAGAGCCCGGYAATCGCATAAAACTTAAAACTTTAC']
1214	m.3290T>C	4567	MT-TL1	['TAAAACTTTACAGTCAGAGGTTCAAYTCCTCTTCTTAACAACATACCCATG']
1215	m.4290T>C	4565	MT-TI	['AAATATGTCTGATAAAAGAGTTACTYTGATAGAGTAAATAATAGGAGCTTA']
1216	m.4291T>C	4565	MT-TI	['AATATGTCTGATAAAAGAGTTACTTYGATAG

【表６－２６】

				AGTAAATAATAGGAGCTTAA']
1217	m.9997T>C	4563	MT-TG	['ATCTATTGATGAGGGTCTTACTCTTYTAGTA TAAATAGTACCGTTAACTTC']
1218	m.10010T>C	4563	MT-TG	['GGTCTTACTCTTTTAGTATAAATAGYACCGT TAACTTCCAATTAACTAGTT']
1219	m.4336T>C	4572	MT-TQ	['GCTTAAACCCCCTTATTTCTAGGACYATGAG AATCGAACCCATCCCTGAGA']
1220	m.14709T>C	4556	MT-TE	['CGGACTACAACCACGACCAATGATAYGAAA AACCATCGTTGTATTTCAACT']
1221	m.14674T>C	4556	MT-TE	['TCAACAGAAACAAAGCATACATCATBATTCT CGCACGGACTACAACCACGA']
1222	m.5692T>C	4570	MT-TN	['GGGACTTAAACCCACAAACACTTAGYTAAC AGCTAAGCACCCTAATCAACT']
1223	m.5728T>C	4570	MT-TN	['GCACCCTAATCAACTGGCTTCAATCYACTTC TCCCGCCGCCGGGAAAAAAG']
1224	m.2991T>C	4550	MT-RNR2	['TCAACAATAGGGTTTACGACCTCGAYGTTGG ATCAGGACATCCCGATGGTG']
1225	m.1291T>C	4549	MT-RNR1	['ATCTTCAGCAAACCCTGATGAAGGCYACAA AGTAAGCGCAAGTACCCACGT']
1226	m.1095T>C	4549	MT-RNR1	['CTGGGATTAGATACCCCACTATGCTYAGCCC TAAACCTCAACAGTTAAATC']
1227	m.8528T>C	-1	-	['TTATAACAAACCCTGAGAACCAAAAYGAAC GAAAATCTGTTCGCTTCATTC']
1228	m.8993T>C	4508	MT-ATP6	['AGCCTACTCATTCAACCAATAGCCCBGGCCG TACGCCTAACCGCTAACATT']
1229	m.9101T>C	4508	MT-ATP6	['ATTAACCTTCCCTCTACACTTATCAYCTTCA CAATTCTAATTCTACTGACT']
1230	m.9176T>C	4508	MT-ATP6	['ATCCAAGCCTACGTTTTCACACTTCBAGTAA GCCTCTACCTGCACGACAAC']
1231	m.8851T>C	4508	MT-ATP6	['AAACCTAGCCATGGCCATCCCCTTAYGAGC GGGCACAGTGATTATAGGCTT']
1232	m.9185T>C	4508	MT-ATP6	['TACGTTTTCACACTTCTAGTAAGCCYCTACC TGCACGACAACACATAATGA']
1233	m.7587T>C	4513	MT-CO2	['ATAGGCTAAATCCTATATATCTTAAYGGCAC ATGCAGCGCAAGTAGGTCTA']
1234	m.6742T>C	4512	MT-CO1	['GGTATGGTCTGAGCTATGATATCAAYTGGCT TCCTAGGGTTTATCGTGTGA']
1235	m.6721T>C	4512	MT-CO1	['AAAGAACCATTTGGATACATAGGTAYGGTC TGAGCTATGATATCAATTGGC']
1236	m.7275T>C	4512	MT-CO1	['CATGAAACATCCTATCATCTGTAGGYTCATT CATTTCTCTAACAGCAGTAA']
1237	m.15572T>C	4519	MT-CYB	['CATCAAGCCCGAATGATATTTCCTAYTCGCC TACACAATTCTCCGATCCGT']
1238	m.15197T>C	4519	MT-CYB	['GGCCACAGTAATTACAAACTTACTAYCCGCC

【表６－２７】

				ATCCCATACATTGGGACAGA']
1239	m.14849T>C	4519	MT-CYB	['CATCTCCGCATGATGAAACTTCGGCYCACTC CTTGGCGCCTGCCTGATCCT']
1240	NC_012920.1:m.14484T>C	4541	MT-ND6	['GCTGTAGTATATCCAAAGACAACCAYCATTC CCCCTAAATAAATTAAAAAA']
1241	m.14487T>C	4541	MT-ND6	['GTAGTATATCCAAAGACAACCATCAYTCCCC CTAAATAAATTAAAAAAACT']
1242	m.12706T>C	4540	MT-ND5	['ATCAGTTCTTCAAATATCTACTCATYTTCCT AATTACCATACTAATCTTAG']
1243	m.10563T>C	4539	MT-ND4L	['CTCACACCTCATATCCTCCCTACTAYGCCTA GAAGGAATAATACTATCGCT']
1244	m.10663T>C	4539	MT-ND4L	['ATATTGTGCCTATTGCCATACTAGTYTTTGC CGCCTGCGAAGCAGCGGTNG']
1245	m.10191T>C	4537	MT-ND3	['TTACGAGTGCGGCTTCGACCCTATAYCCCCC GCCCGCGTCCCTTTCTCCAT']
1246	m.10158T>C	4537	MT-ND3	['ACAACTCAACGGCTACATAGAAAAAYCCAC CCCTTACGAGTGCGGCTTCGA']
1247	m.4681T>C	4536	MT-ND2	['CAAGCAACCGCATCCATAATCCTTCYAATAG CTATCCTCTTCAACAATATA']
1248	m.4160T>C	4535	MT-ND1	['TACCCCCGATTCCGCTACGACCAACYCATAC ACCTCCTATGAAAAAACTTC']
1249	m.3394T>C	4535	MT-ND1	['GCTTACCGAACGAAAAATTCTAGGCYATAT ACAACTACGCAAAGGCCCCAA']
1250	m.3308T>C	4535	MT-ND1	['GGTTCAATTCCTCTTCTTAACAACABACCCA TGGCCAACCTCCTACTCCTC']
1251	m.3949T>C	4535	MT-ND1	['ACTAGTCTCAGGCTTCAACATCGAAYACGCC GCAGGCCCCTTCGCCCTATT']
1252	NM_003140.2(SRY):c.326T>C (p.Phe109Ser)	6736	SRY	['CTTACTGAAGCCGAAAAATGGCCATYCTTCC AGGAGGCACAGAAATTACAG']
1253	NM_003140.2(SRY):c.203T>C (p.Ile68Thr)	6736	SRY	['GTGAAGCGACCCATGAACGCATTCAYCGTG TGGTCTCGCGATCAGAGGCGC']
1254	NM_021083.2(XK):c.880T>C (p.Cys294Arg)	7504	XK	['ACTCTATACTGGTATCAACATGTTCNGCTGG TCTGCTGTACAGCTGAAAAT']
1255	NM_000354.5(SERPINA7):c.740T>C (p.Leu247Pro)	6906	SERPINA7	['CACCAGATGGAACAATACTATCACCYAGTG GATATGGAATTGAACTGCACA']
1256	NM_000044.3(AR):c.2033T>C (p.Leu678Pro)	367	AR	['TGTCAGCCCATCTTTCTGAATGTCCYGGAAG CCATTGAGCCAGGTGTAGTG']
1257	NM_000044.3(AR):c.2423T>C (p.Met808Thr)	367	AR	['ATCACCCCCCAGGAATTCCTGTGCAYGAAA GCACTGCTACTCTTCAGCATT']
1258	NM_000044.3(AR):c.2596T>C (p.Ser866Pro)	367	AR	['CTACCAGCTCACCAAGCTCCTGGACYCCGTG CAGCCTGTAAGCAAACGATG']
1259	NM_000451.3(SHOX):c.877T>C (p.Ter293Arg)	6473	SHOX	['GAAGCACGCGGAGGCCCTGGGGCTCYGACC CGCCGCGCAGCCCCCCGCGCG']
1260	NM_000330.3(RS1):c.286T>C	-1	-	['TTGAGCCGGGCCTTGTTTGCAGTCCRCGAAG

【表６－２８】

	(p.Trp96Arg)			AATACCAGCCCACATACTGC']
1261	NM_000330.3(RS1):c.38T>C (p.Leu13Pro)	6247	RS1	['ATAGAAGGCTTTTTGTTATTACTTCYCTTTG GCTATGAAGGTATGTGCTAT']
1262	NM_000330.3(RS1):c.667T>C (p.Cys223Arg)	-1	-	['CCGAGCTGAGGCAGGCATCAGGCACRCTTG CTGACGCACTCCAGCAGCTCC']
1263	NM_002764.3(PRPS1):c.344T>C (p.Met115Thr)	5631	PRPS1	['ATCTCAGCCAAGCTTGTTGCAAATAYGCTAT CTGTAGCAGGTGCAGATCAT']
1264	NM_002764.3(PRPS1):c.455T>C (p.Leu152Pro)	5631	PRPS1	['AATTTGTATGCAGAGCCGGCTGTCCYAAAGT GGATAAGGGAGAATATCTCT']
1265	NM_002764.3(PRPS1):c.869T>C (p.Ile290Thr)	5631	PRPS1	['TTTCCTTTCTTGCCTTTCTAGGTGAYTGACAT CTCTATGATCCTTGCAGAA']
1266	NM_000291.3(PGK1):c.263T>C (p.Leu88Pro)	5230	PGK1	['CCAGTTGCTGTAGAACTCAAATCTCYGCTGG GCAAGTAAGTGCCAGGCTCT']
1267	NM_000291.3(PGK1):c.946T>C (p.Cys316Arg)	5230	PGK1	['CACCTCTACCCCTCAGGGCTTGGACYGTGGT CCTGAAAGCAGCAAGAAGTA']
1268	NM_000291.3(PGK1):c.758T>C (p.Ile253Thr)	5230	PGK1	['CATCATTTTGGCTCCCCTGTGTAGAYTGGCA CTTCTCTGTTTGATGAAGAG']
1269	NM_001122606.1(LAMP2):c.961T>C (p.Trp321Arg)	3920	LAMP2	['CATTGCAAATAACAATCTCAGCTACYGGGA TGCCCCCCTGGGAAGTTCTTA']
1270	NM_000206.2(IL2RG):c.343T>C (p.Cys115Arg)	3561	IL2RG	['ATTCTCTGAAGAAATCACTTCTGGCYGTCAG TTGCAAAAAAAGGAGATCCA']
1271	NM_000206.2(IL2RG):c.452T>C (p.Leu151Pro)	3561	IL2RG	['ACACAGATGCTAAAACTGCAGAATCYGGGT AATTTGGAAAGAAAGGGTCAA']
1272	NM_000194.2(HPRT1):c.122T>C (p.Leu41Pro)	3251	HPRT1	['GAAAGGGTGTTTATTCCTCATGGACYAATTA TGGACAGGTAAGTAAGATCT']
1273	NM_000194.2(HPRT1):c.170T>C (p.Met57Thr)	3251	HPRT1	['CTTGCTCGAGATGTGATGAAGGAGAYGGGA GGCCATCACATTGTAGCCCTC']
1274	NM_000132.3(F8):c.6554T>C (p.Leu2185Ser)	2157	F8	['ATTCGCAGCACTCTTCGCATGGAGTYGATGG GCTGTGATTTAAATAGTAAG']
1275	NM_000132.3(F8):c.985T>C (p.Cys329Arg)	2157	F8	['GGACCTTGGACAGTTTCTACTGTTTYGTCAT ATCTCTTCCCACCAACATGG']
1276	NM_000132.3(F8):c.5372T>C (p.Met1791Thr)	2157	F8	['AGAGCAGAAGTTGAAGATAATATCAYGGTG AGTTAAGGACAGTGGAATTAC']
1277	NM_000132.3(F8):c.1754T>C (p.Ile585Thr)	2157	F8	['CCTTTCAATATATGTAATTAACAGAYAATGT CAGACAAGAGGAATGTCATC']
1278	NM_000132.3(F8):c.935T>C (p.Phe312Ser)	2157	F8	['TCCTTGGAAATCTCGCCAATAACTTYCCTTA CTGCTCAAACACTCTTGATG']
1279	NM_000132.3(F8):c.980T>C (p.Leu327Pro)	2157	F8	['TTGATGGACCTTGGACAGTTTCTACYGTTTT GTCATATCTCTTCCCACCAA']
1280	NM_000132.3(F8):c.1174T>C (p.Ser392Pro)	2157	F8	['CTCTCCTTCCTTTATCCAAATTCGCYCAGTTG CCAAGAAGCATCCTAAAAC']
1281	NM_000132.3(F8):c.1417T>C (p.Tyr473His)	2157	F8	['ATCAGGAATCTTGGGACCTTTACTTYATGGG GAAGTTGGAGACACACTGTT']
1282	NM_000132.3(F8):c.1481T>C	2157	F8	['AATCAAGCAAGCAGACCATATAACAYCTAC

【表６－２９】

	(p.Ile494Thr)			CCTCACGGAATCACTGATGTC']
1283	NM_000132.3(F8):c.1729T>C (p.Ser577Pro)	2157	F8	['CCCTCTCCTCATCTGCTACAAAGAAYCTGTA GATCAAAGAGGAAACCAGGT']
1284	NM_000132.3(F8):c.1958T>C (p.Val653Ala)	2157	F8	['CAGTTGTCAGTTTGTTTGCATGAGGYGGCAT ACTGGTACATTCTAAGCATT']
1285	NM_000132.3(F8):c.2029T>C	2157	F8	['TTCTGTCTTCTTCTCTGGATATACCYTCAAAC ACAAAATGGTCTATGAAGA']
1286	NM_000132.3(F8):c.6193T>C	2157	F8	['GTTTCTTTACTTGGGCAAAGGACAGYGGGCC CCAAAGCTGGCCAGACTTCA']
1287	NM_007325.4(GRIA3):c.2117T>C (p.Met706Thr)	2892	GRIA3	['GTGTACGAGAAAATGTGGTCTTACAYGAAA TCAGCGGAGCCATCTGTGTTT']
1288	NM_000402.4(G6PD):c.1058T>C (p.Leu353Pro)	2539	G6PD	['GAGGGCGAGGCCACCAAAGGGTACCYGGAC GACCCCACGGTGCCCCGCGGG']
1289	NM_000402.4(G6PD):c.1054T>C (p.Tyr352His)	2539	G6PD	['TGGAGAGGGCGAGGCCACCAAAGGGYACCT GGACGACCCCACGGTGCCCCG']
1290	NM_001097642.2(GJB1):c.397T>C (p.Trp133Arg)	2705	GJB1	['GGTCCACATCTCAGGGACACTGTGGYGGAC CTATGTCATCAGCGTGGTGTT']
1291	NM_000166.5(GJB1):c.407T>C (p.Val136Ala)	2705	GJB1	['TCAGGGACACTGTGGTGGACCTATGYCATC AGCGTGGTGTTCCGGCTGTTG']
1292	NM_000032.4(ALAS2):c.595T>C (p.Tyr199His)	212	ALAS2	['TGTGTCCGTCTGGTGTAGTAATGATYACCTG GGCATGAGCCGACACCCTCA']
1293	NM_020061.5(OPN1LW):c.607T>C (p.Cys203Arg)	5956	OPN1LW	['CTGGCCCCACGGCCTGAAGACTTCAYGCGG CCCAGACGTGTTCAGCGGCAG']
1294	NM_000513.2(OPN1MW):c.607T>C (p.Cys203Arg)	2652	OPN1MW	['CTGGCCCCACGGCCTGAAGACTTCAYGCGG CCCAGACGTGTTCAGCGGCAG']
1295	NM_000513.2(OPN1MW):c.529T>C (p.Trp177Arg)	2652	OPN1MW	['GGCCATCGTGGGCATTGCCTTCTCCYGGATC TGGGCTGCTGTGTGGACAGC']
1296	NM_000273.2(GPR143):c.397T>C (p.Trp133Arg)	4935	GPR143	['GCTGTTGTACAGTGCCTGCTTCTGGHGGCTG TTTTGCTATGCAGTGGATGC']
1297	NM_000133.3(F9):c.52T>C (p.Cys18Arg)	2158	F9	['AGAATCACCAGGCCTCATCACCATCYGCCTT TTAGGATATCTACTCAGTGC']
1298	NM_000133.3(F9):c.1058T>C (p.Val353Ala)	2158	F9	['TTCCTCAAATTTGGATCTGGCTATGYAAGTG GCTGGGGAAGAGTCTTCCAC']
1299	NM_000133.3(F9):c.1144T>C (p.Cys382Arg)	2158	F9	['AGTTCCACTTGTTGACCGAGCCACAHGTCTT CGATCTACAAAGTTCACCAT']
1300	NM_000133.3(F9):c.1328T>C (p.Ile443Thr)	2158	F9	['TGTGCAATGAAAGGCAAATATGGAAYATAT ACCAAGGTATCCCGGTATGTC']
1301	NM_000133.3(F9):c.1357T>C (p.Trp453Arg)	2158	F9	['TACCAAGGTATCCCGGTATGTCAACYGGATT AAGGAAAAAACAAAGCTCAC']
1302	NM_000133.3(F9):c.82T>C (p.Cys28Arg)	2158	F9	['TTTAGGATATCTACTCAGTGCTGAAYGTACA GGTTTGTTTCCTTTTTTAAA']
1303	NM_000133.3(F9):c.277+2T>C	2158	F9	['CTGAATTTTGGAAGCAGTATGTTGGYAAGC AATTCATTTTATCCTCTAGCT']
1304	NM_000133.3(F9):c.1031T>C	2158	F9	['ATTGCTGACAAGGAATACACGAACAYCTTC

【表６－３０】

	(p.Ile344Thr)			CTCAAATTTGGATCTGGCTAT']
1305	NM_000169.2(GLA):c.484T>C (p.Trp162Arg)	-1	-	['CATTGATGCCCAGACCTTTGCTGACYGGGGA GTAGATCTGCTAAAATTTGA']
1306	NM_000169.2(GLA):c.806T>C (p.Val269Ala)	-1	-	['TTATTTCATTCTTTTTCTCAGTTAGYGATTGG CAACTTTGGCCTCAGCTGG']
1307	NM_015107.2(PHF8):c.836T>C (p.Phe279Ser)	23133	PHF8	['CCAACAAATGCCAATCTGACTCTCTYTGAGT GCTGGAGCAGTTCCTCTAAT']
1308	NM_033290.3(MID1):c.1877T> C (p.Leu626Pro)	4281	MID1	['TATGATGCTTTGAACTCCATCCACCYCTACA CCTTCGACGTCGCATTTGCG']
1309	NM_033290.3(MID1):c.884T>C (p.Leu295Pro)	4281	MID1	['TTCAAGGTGATGAGGCTTCGCAAACYGGCT CAGCAGATTGCAAACTGCAAA']
1310	NM_000444.5(PHEX):c.755T>C (p.Phe252Ser)	5251	PHEX	['CAGTATCGGGATGCCCTTTACAAGTYCATGG TGGATACTGCCGTGCTTTTA']
1311	NM_000444.5(PHEX):c.1664T> C (p.Leu555Pro)	5251	PHEX	['CTCATAGGATTTCCAGCAGGAGAGCYCCAG AAGCCTTTCTTTTGGGGAACA']
1312	NM_001205019.1(GK):c.1525T> C (p.Trp509Arg)	2710	GK	['AGAAAGTGAAATTCGTTATTCTACAYGGAA GAAAGCTGTGATGAAGTCAAT']
1313	NM_000475.4(NR0B1):c.890T> C (p.Leu297Pro)	190	NR0B1	['AACTGCTGGGCGTCCCTGCTCATGCYTGAGC TGGCCCAGGACCGCTTGCAG']
1314	NM_000531.5(OTC):c.332T>C (p.Leu111Pro)	5009	OTC	['CTTCTGGGAGGACATCCTTGTTTTCYTACCA CACAAGATATTCATTTGGGT']
1315	NM_000531.5(OTC):c.134T>C (p.Leu45Pro)	5009	OTC	['CTGAAGGGCCGTGACCTTCTCACTCYAAAA AACTTTACCGGAGAAGAAATT']
1316	NM_000531.5(OTC):c.717+2T> C	5009	OTC	['TTGGCAGAGCAGTATGCCAAAGAGGYATGC TCTTTACATGTAAAGCTATTA']
1317	NM_001399.4(EDA):c.181T>C (p.Tyr61His)	1896	EDA	['CCTCCACCTGCTGACGTTGTGCTGCYACCTA GAGTTGCGCTCGGAGTTGCG']
1318	NM_001015877.1(PHF6):c.2T> C (p.Met1Thr)	84295	PHF6	['CATTCTAAAGGCAATTTAAAAATCAYGTCA AGCTCAGTTGAACAGAAAAAA']
1319	NM_001128834.2(PLP1):c.487T >C (p.Trp163Arg)	5354	PLP1	['CATCACCTATGCCCTGACCGTTGTGYGGCTC CTGGTGTTTGCCTGCTCTGC']
1320	NM_001128834.2(PLP1):c.671T >C (p.Leu224Pro)	5354	PLP1	['CCTGGCAAGGTTTGTGGCTCCAACCYTCTGT CCATCTGCAAAACAGCTGAG']
1321	NM_001128834.2(PLP1):c.560T >C (p.Ile187Thr)	5354	PLP1	['AACACCTGGACCACCTGCCAGTCTAYTGCCT TCCCCAGCAAGACCTCTGCC']
1322	NM_001128834.2(PLP1):c.710T >C (p.Phe237Ser)	5354	PLP1	['ATTTTCCTGCAGTTCCAAATGACCTYCCACC TGTTTATTGCTGCATTTGTG']
1323	NM_000116.4(TAZ):c.352T>C (p.Cys118Arg)	6901	TAZ	['CTCCCACTTCTTCAGCTTGGGCAAGYGTGTG CCTGTGTGCCGAGGTGAGCT']
1324	NM_000377.2(WAS):c.244T>C (p.Ser82Pro)	7454	WAS	['CTTCGTGAAGGATAACCCCCAGAAGYCCTA CTTCATCCGCCTTTACGGCCT']
1325	NM_000377.2(WAS):c.809T>C (p.Leu270Pro)	7454	WAS	['AACCTCGACCCAGATCTGCGGAGTCYGTTCT CCAGGGCAGGAATCAGCGAG']
1326	NM_182680.1(AMELX):c.2T>C	-1	-	['CTTACATTTCAGAACCATCAAGAAAYGGGG

【表６－３１】

	(p.Met1Thr)			ACCTGGATTTTATTTGCCTGC']
1327	NM_000074.2(CD40LG):c.464T>C (p.Leu155Pro)	959	CD40LG	['ACCATGAGCAACAACTTGGTAACCCYGGAAAATGGGAAACAGCTGACCGTT']
1328	NM_139058.2(ARX):c.98T>C (p.Leu33Pro)	170302	ARX	['TCCTCCTACTGCATCGACAGCATCCYGGGCCGGAGGAGCCCGTGCAAAATG']
1329	NM_001109878.1(TBX22):c.641T>C (p.Leu214Pro)	50945	TBX22	['TGATCATTTCTCCTCCAGATCATTCYGCAATCCATGCATAAGTACAAACCC']
1330	NM_000061.2(BTK):c.2T>C (p.Met1Thr)	695	BTK	['GGTGAACTCCAGAAAGAAGAAGCTAYGGCCGCAGTGATTCTGGAGAGCATC']
1331	NM_000061.2(BTK):c.1223T>C (p.Leu408Pro)	695	BTK	['AAGGACCTGACCTTCTTGAAGGAGCYGGGGACTGGACAATTTGGGGTAGTG']
1332	NM_000061.2(BTK):c.1516T>C (p.Cys506Arg)	695	BTK	['GCTGCTAGAGATGTGCAAGGATGTCYGTGAAGCCATGGAATACCTGGAGTC']
1333	NM_000061.2(BTK):c.1625T>C (p.Leu542Pro)	695	BTK	['GTTGTTAAAGTATCTGATTTCGGCCYGTCCAGGTGAGTGTGGCTTTTTCAT']
1334	NM_000061.2(BTK):c.1741T>C (p.Trp581Arg)	695	BTK	['CAAGTTCAGCAGCAAATCTGACATTYGGGCTTTTGGTAAGTGGATAAGATT']
1335	NM_000061.2(BTK):c.1955T>C (p.Leu652Pro)	695	BTK	['TTCAAAATTCTTCTGAGCAATATTCYAGATGTCATGGATGAAGAATCCTGA']
1336	NM_015884.3(MBTPS2):c.1424T>C (p.Phe475Ser)	51360	MBTPS2	['GATGGACAATGGATTCTAAACTCTTYCTTGGATGCCACCCTTACCTCAGTG']
1337	NM_014009.3(FOXP3):c.970T>C (p.Phe324Leu)	50943	FOXP3	['GATTCATCCCCACCCTCTGACAGAGYTCCTCCACAACATGGACTACTTCAA']
1338	NM_014009.3(FOXP3):c.1099T>C (p.Phe367Leu)	50943	FOXP3	['GACACTCAATGAGATCTACCACTGGYTCACACGCATGTTTGCCTTCTTCAG']
1339	NM_022567.2(NYX):c.302T>C (p.Ile101Thr)	60506	NYX	['CTGCGCCACAACAACCTGTCCTTCAYCACGCCCGGCGCCTTCAAGGGCCTG']
1340	NM_003639.4(IKBKG):c.1249T>C (p.Cys417Arg)	8517	IKBKG	['CACCCTGCAGATACATGTCATGGAGYGCATTGAGTAGGGCCGGCCAGTGCA']
1341	NM_006579.2(EBP):c.53T>C (p.Leu18Pro)	10682	EBP	['CCATACTGGCCTCAGCACCTAAGACYGGACAACTTTGTACCTAATGACCGC']
1342	NM_003159.2(CDKL5):c.215T>C (p.Ile72Thr)	6792	CDKL5	['CTTCGGACTCTCAAGCAGGAAAACAHTGTGGAGTTGAAGGAAGCATTTCGT']
1343	NM_001011658.3(TRAPPC2):c.248T>C (p.Phe83Ser)	-1	-	['GCCTTAATTATTTCACATATGAGGTYTATTATGCTTCATGACATAAGACAA']
1344	NM_001011658.3(TRAPPC2):c.238+4T>C	-1	-	['AGTTACCTTTACTAAGAAGGTAAGGRTATGCCCCGCAGTGACAAATGCCGA']
1345	NM_003688.3(CASK):c.802T>C (p.Tyr268His)	8573	CASK	['GGATCCAGCTGAAAGGATCACTGTTYATGAAGCACTGAATCACCCATGGCT']
1346	NM_003688.3(CASK):c.2740T>C (p.Trp914Arg)	8573	CASK	['TGAGCTCGTGTGCACAGCCCCACAGYGGGTCCCTGTCTCCTGGGTCTATTA']
1347	NM_001159702.2(FHL1):c.457T>C (p.Cys153Arg)	2273	FHL1	['AGGGGAGGACTTCTACTGCGTGACTYGCCATGAGACCAAGTTTGCCAAGCA']
1348	NM_001159702.2(FHL1):c.310T	2273	FHL1	['GGAGGACTCCCCCAAGTGCAAGGGGYGCTT

【表６－３２】

	>C (p.Cys104Arg)			CAAGGCCATTGTGGCAGGTAC']
1349	NM_001159702.2(FHL1):c.625T>C (p.Cys209Arg)	2273	FHL1	['CACCGCTGTGGAGGACCAGTATTACYGCGTGGATTGCTACAAGAACTTTGT']
1350	NM_001363.4(DKC1):c.113T>C (p.Ile38Thr)	1736	DKC1	['ATACAACACGCTGAAGAATTTCTTANCAAACCTGAATCCAAAGTTGCTAAG']
1351	NM_178152.2(DCX):c.373T>C (p.Tyr125His)	1641	DCX	['CTTATTTCTTGCCTTAGGGGAAAGCYATGTCTGTTCCTCAGACAACTTCTT']
1352	NM_005183.3(CACNA1F):c.2267T>C (p.Ile756Thr)	778	CACNA1F	['ATCCTGTTGAACGTGTTTCTTGCCAYTGCTGTGGACAACCTGGCCAGTGGA']
1353	NM_001493.2(GDI1):c.275T>C (p.Leu92Pro)	2664	GDI1	['ACAGGGCAGCTGGTAAAGATGCTACYGTATACAGAGGTGACTCGCTACCTG']
1354	NM_006517.4(SLC16A2):c.1313T>C (p.Leu438Pro)	6567	SLC16A2	['ATCATGGCCCCCATTGCATTTGAGCYGGTGGGCCCAATGCAGGCCTCACAG']
1355	NM_006517.4(SLC16A2):c.1190T>C (p.Leu397Pro)	6567	SLC16A2	['CTCCAGGTCCTTTCCTTCCTGCTCCYGGGCCTGATGTCCATGATGATTCCC']
1356	NM_006517.4(SLC16A2):c.1481T>C (p.Leu494Pro)	6567	SLC16A2	['CCCCCCATCATCGGGGCTGTAATCCYCTTCTTCGTCCCTCTGATGCATCAA']
1357	NM_004586.2(RPS6KA3):c.803T>C (p.Phe268Ser)	6197	RPS6KA3	['GAAATGCTTACTGGTACACTCCCTTYCCAAGGAAAAGATCGAAAAGAAACA']
1358	NM_000489.4(ATRX):c.4840T>C (p.Cys1614Arg)	546	ATRX	['AAGTTTTCTTCATACAGTTCTTTTGYGTGACAAACTGGATTTCAGCACGGC']
1359	NM_000489.4(ATRX):c.6250T>C (p.Tyr2084His)	546	ATRX	['GAAGTGGCTTCGAAACATTGACTATYACCGTTTAGATGGTTCCACTACTGC']
1360	NM_000489.4(ATRX):c.1226T>C (p.Leu409Ser)	546	ATRX	['GATATTAAGAAGGCTCATCTTGCATYGGAAGAAGACTTAAATTCCGAGTTT']
1361	NM_000489.4(ATRX):c.6149T>C (p.Ile2050Thr)	546	ATRX	['CAGTCCCTCATATCTCTGGACTTGAYTGAAGATTTTCTTGAATTAGCTAGT']
	NM_001110556.1(FLNA):c.720+2T>C	2316	FLNA	
1362	NM_001127899.3(CLCN5):c.1768T>C (p.Ser590Pro)	1184	CLCN5	['AGGTGGGGTGACTCGGATGACTGTTYCTCTTGTTGTCATAATGTTTGAACT']
1363	NM_004992.3(MECP2):c.464T>C (p.Phe155Ser)	4204	MECP2	['GACACATCCCTGGACCCTAATGATTBTGACTTCACGGTAACTGGGAGAGGG']
1364	NM_001061.4(TBXAS1):c.1463T>C (p.Leu488Pro)	6916	TBXAS1	['TGCCTCGGGGTGCGTCTAGGGCTGCYTGAGGTCAAGTTGACACTGCTCCAC']
1365	NM_001061.4(TBXAS1):c.248T>C (p.Leu83Pro)	6916	TBXAS1	['TTTTTTATTCCTCCCAGGTACTATCYTGGTCGTCGGATGTTTATTGTTATT']
1366	NM_000128.3(F11):c.901T>C (p.Phe301Leu)	2160	F11	['TTCTTCATTTTACCATGACACTGATYTCTTGGGAGAAGAACTGGATATTGT']
1367	NM_000128.3(F11):c.166T>C (p.Cys56Arg)	2160	F11	['GGTAGTCTGCACTTACCACCCAAGAYGTTTACTCTTCACTTTCACGGCGGA']
1368	NM_000203.4(IDUA):c.1469T>C (p.Leu490Pro)	3425	IDUA	['AGCCCCGACGGCGAGTGGCGGCGCCYGGGCCGGCCCGTCTTCCCCACGGCA']
1369	NM_000431.3(MVK):c.803T>C	4598	MVK	['ATCGTGGCCCCCCTCCTGACCTCAAYAGATG

【表６－３３】

	(p.Ile268Thr)			CCATCTCCCTGGAGTGTGAG']
1370	NM_014425.3(INVS):c.1478T>C (p.Leu493Ser)	27130	INVS	['TTATGCTTATAGGGAAGAACAGCTTYGCATTGGTCCTGCAACAATGGATAC']
1371	NM_000108.4(DLD):c.1178T>C (p.Ile393Thr)	1738	DLD	['GACTACAATTGTGTGCCATCAGTGAYTTACACACACCCTGAAGTTGCTTGG']
1372	NM_000170.2(GLDC):c.2T>C (p.Met1Thr)	2731	GLDC	['GGGCAGGGGACGGTGGCCGCGGCCAYGCAGTCCTGTGCCAGGGCGTGGGGG']
1373	NM_000151.3(G6PC):c.229T>C (p.Trp77Arg)	2538	G6PC	['AGACTGGCTCAACCTCGTCTTTAAGYGGTAAGAACCATATAGAGAGGAGAT']
1374	NM_004453.3(ETFDH):c.2T>C (p.Met1Thr)	2110	ETFDH	['CCGAGAGTCCTGGTGACTTTGAACAYGCTGGTGCCGCTAGCCAAGCTGTCC']
1375	NM_000136.2(FANCC):c.1661T>C (p.Leu554Pro)	-1	-	['CTGGCCCGAGAGCTCCTTAAAGAGCYGCGAACTCAAGTCTAGAAGGCACGC']
1376	NM_000131.4(F7):c.38T>C (p.Leu13Pro)	2155	F7	['GCCCTCAGGCTCCTCTGCCTTCTGCYTGGGCTTCAGGGCTGCCTGGCTGCA']
1377	NM_000131.4(F7):c.983T>C (p.Phe328Ser)	2155	F7	['CCCCTCTGCCTGCCCGAACGGACGTYCTCTGAGAGGACGCTGGCCTTCGTG']
1378	NM_024649.4(BBS1):c.1553T>C (p.Leu518Pro)	-1	-	['ACAACCCGTCCTGTCCTGGGGCTGCYGGTCTGCTTCCTGTACAACGAGGCG']
1379	NM_000490.4(AVP):c.200T>C (p.Val67Ala)	551	AVP	['TGCGCGGACGAGCTGGGCTGCTTCGYGGGCACGGCTGAGGCGCTGCGCTGC']
1380	NM_000490.4(AVP):c.61T>C (p.Tyr21His)	551	AVP	['CCTACTGGCCTTCTCCTCCGCGTGCYACTTCCAGAACTGCCCGAGGGGCGG']
1381	NM_001692.3(ATP6V1B1):c.242T>C (p.Leu81Pro)	525	ATP6V1B1	['GGGACTCAGAGGAGCGGGCAGGTGCYTGAGGTGGCTGGCACCAAGGCGATT']
1382	NM_003361.3(UMOD):c.649T>C (p.Cys217Arg)	7369	UMOD	['GGGCGGTGCGCGCATGGCCGAGACCBGCGTGCCAGTCCTGCGCTGCAACAC']
1383	NM_003361.3(UMOD):c.376T>C (p.Cys126Arg)	7369	UMOD	['TAGCCACTGCCACGCCCTGGCCACAYGTGTCAATGTGGTGGGCAGCTACTT']
1384	NM_003361.3(UMOD):c.943T>C (p.Cys315Arg)	7369	UMOD	['CAAATCGAATAATGGCAGATGGCACYGCCAGTGCAAACAGGACTTCAACAT']
1385	NM_080911.2(UNG):c.752T>C (p.Phe251Ser)	7374	UNG	['AATCAGAACTCGAATGGCCTTGTTTYCTTGCTCTGGGGCTCTTATGCTCAG']
1386	NM_199292.2(TH):c.707T>C (p.Leu236Pro)	7054	TH	['CAGGTGTACCGCCAGCGCAGGAAGCYGATTGCTGAGATCGCCTTCCAGTAC']
1387	NM_001065.3(TNFRSF1A):c.175T>C (p.Cys59Arg)	7132	TNFRSF1A	['CCACCCTCAAAATAATTCGATTTGCYGTACCAAGTGCCACAAAGGTAGGGG']
1388	NM_001065.3(TNFRSF1A):c.349T>C (p.Cys117Arg)	7132	TNFRSF1A	['AATGGGTCAGGTGGAGATCTCTTCTYGCACAGTGGACCGGGACACCGTGTG']
1389	NM_000546.5(TP53):c.755T>C (p.Leu252Pro)	7157	TP53	['GGCGGCATGAACCGGAGGCCCATCCYCACCATCATCACACTGGAAGACTCC']
1390	NM_000546.5(TP53):c.398T>C (p.Met133Thr)	7157	TP53	['CAGTACTCCCCTGCCCTCAACAAGAYGTTTTGCCAACTGGCCAAGACCTGC']
1391	NM_000546.5(TP53):c.1031T>C	7157	TP53	['GAGCGCTTCGAGATGTTCCGAGAGCYGAAT

【表６－３４】

	(p.Leu344Pro)			GAGGCCTTGGAACTCAAGGAT']
1392	NM_001018005.1(TPM1):c.284T>C (p.Val95Ala)	7168	TPM1	['TCTCTGAACAGACGCATCCAGCTGGYTGAGGAAGAGTTGGATCGTGCCCAG']
1393	NM_001159287.1(TPI1):c.832T>C (p.Phe278Leu)	7167	TPI1	['GGGTGGTGCTTCCCTCAAGCCCGAAYTCGTGGACATCATCAATGCCAAACA']
1394	NM_003242.5(TGFBR2):c.923T>C (p.Leu308Pro)	7048	TGFBR2	['AAGCATGAGAACATACTCCAGTTCCYGACGGCTGAGGAGCGGAAGACGGAG']
1395	NM_000660.5(TGFB1):c.673T>C (p.Cys225Arg)	7040	TGFB1	['CTTTCGCCTTAGCGCCCACTGCTCCYGTGACAGCAGGGATAACACACTGCA']
1396	NM_000660.5(TGFB1):c.241T>C (p.Tyr81His)	7040	TGFB1	['GCTGCCCGAGGCCGTGCTCGCCCTGYACAACAGCACCCGCGACCGGGTGGC']
1397	NM_000660.5(TGFB1):c.667T>C (p.Cys223Arg)	7040	TGFB1	['TGAGGGCTTTCGCCTTAGCGCCCACNGCTCCTGTGACAGCAGGGATAACAC']
1398	NM_001128177.1(THRB):c.929T>C (p.Met310Thr)	7068	THRB	['ATCATCCTCCTCAAAGGCTGCTGCAYGGAGATCATGTCCCTTCGCGCTGCT']
1399	NM_001128177.1(THRB):c.1336T>C (p.Cys446Arg)	7068	THRB	['CCGCTTCCTGCACATGAAGGTGGAAYGCCCCACAGAACTCTTCCCCCCTTT']
1400	NM_001128177.1(THRB):c.1373T>C (p.Val458Ala)	7068	THRB	['CTCTTCCCCCCTTTGTTCTTGGAAGYGTTCGAGGATTAGACTGACTGGATT']
1401	NM_007313.2(ABL1):c.814T>C (p.Tyr272His)	25	ABL1	['GAAGCACAAGCTGGGCGGGGGCCAGYACGGGGAGGTGTACGAGGGCGTGTG']
1402	NM_007313.2(ABL1):c.988T>C (p.Phe330Leu)	25	ABL1	['AGGGGTCTGCACCCGGGAGCCCCCGYTCTATATCATCACTGAGTTCATGAC']
1403	NM_007313.2(ABL1):c.1109T>C (p.Met370Thr)	25	ABL1	['ATGGCCACTCAGATCTCGTCAGCCAYGGAGTACCTGGAGAAGAAAAACTTC']
1404	NM_021961.5(TEAD1):c.1261T>C (p.Tyr?His)	7003	TEAD1	['TGAACACGGAGCACAACATCATATTYACAGGCTTGTAAAGGACTGAACATG']
1405	NM_001256850.1(TTN):c.29276T>C (p.Trp976Arg)	7273	TTN	['TGGATACCCATCCCCGACAGTGACAHGGTACAGGGAAGACTACCAAATCGA']
1406	NM_133378.4(TTN):c.100163T>C (p.Leu33388Pro)	-1	-	['GAAAACACAGATGACCTGACAACCCYGATCATCATGGACGTACAGAAACAA']
1407	NM_003235.4(TG):c.3733T>C (p.Cys1245Arg)	7038	TG	['CCCCACAGGCTCTGCCATGCAGCAGYGCCAATTGCTGTGCCGCCAGGGCTC']
1408	NM_003235.4(TG):c.3229T>C (p.Cys1077Arg)	7038	TG	['TCTCTCTCCCACAGGCCCGACAACCYGCGAGAAATCTCGAACCAGTGGGCT']
1409	NM_000733.3(CD3E):c.520+2T>C	916	CD3E	['CGGGTGCTGGCGGCAGGCAAAGGGGYAAGGCTGTGGAGTCCAGTCAGAGGA']
1410	NM_003000.2(SDHB):c.487T>C (p.Ser163Pro)	6390	SDHB	['GCCTTATTTGAAGAAGAAGGATGAAYCTCAGGAAGGCAAGCAGCAGTATCT']
1411	NM_003106.3(SOX2):c.290T>C (p.Leu97Pro)	-1	-	['CCGTTCATCGACGAGGCTAAGCGGCYGCGAGCGCTGCACATGAAGGAGCAC']
1412	NM_001024858.2(SPTB):c.604T>C (p.Trp202Arg)	6710	SPTB	['TAATGTCACCAACTTTACCTCCAGCYGGAAGGATGGCTTGGCCTTTAATGC']
1413	NM_001024858.2(SPTB):c.6055	6710	SPTB	['GGTGTGCCAGTTCTCGAGGGATGCCYCTGTG

【表６－３５】

	T>C (p.Ser2019Pro)			GCTGAGGCGTGGCTGATTGC']
1414	NM_003126.2(SPTA1):c.779T>C (p.Leu260Pro)	6708	SPTA1	['TTGGCTCTCCAGAGACAGAAAGCTCBGTCCAATGCTGCAAACTTACAACGA']
1415	NM_003126.2(SPTA1):c.781T>C (p.Ser261Pro)	6708	SPTA1	['GGCTCTCCAGAGACAGAAAGCTCTGYCCAATGCTGCAAACTTACAACGATT']
1416	NM_003126.2(SPTA1):c.620T>C (p.Leu207Pro)	6708	SPTA1	['AAATTTGAAGACTTCCAAGTGGAGCYGGTAGCTAAAGAAGGGAGAGTTGTT']
1417	NM_005633.3(SOS1):c.1294T>C (p.Trp432Arg)	6654	SOS1	['CGAGATTCAGAAGAATATTGATGGTYGGGAGGGAAAAGACATTGGACAGTG']
1418	NM_006920.4(SCN1A):c.3577T>C (p.Trp1193Arg)	-1	-	['TGTGGAAGAAGGCAGAGGAAAACAAYGGTGGAACCTGAGAAGGACGTGTTT']
1419	NM_006920.4(SCN1A):c.4250T>C (p.Val1417Ala)	-1	-	['TTTGGGTATCTCTCTTTGCTTCAAGYTGTAAGTGAACACTATTTTCTCTGA']
1420	NM_006920.4(SCN1A):c.434T>C (p.Met145Thr)	6323	SCN1A	['ACTATTTTGACAAACTGTGTGTTTAHGACAATGAGTAACCCTCCTGATTGG']
1421	NM_006920.4(SCN1A):c.4462T>C (p.Phe1488Leu)	-1	-	['TCTATACTTTGGAGGTCAAGACATCYTTATGACAGAAGAACAGAAGAAATA']
1422	NM_152296.4(ATP1A3):c.821T>C (p.Ile274Thr)	478	ATP1A3	['GGGCTGGAGGTGGGCAAGACGCCCAHCGCCATCGAGATTGAGCACTTCATC']
1423	NM_152296.4(ATP1A3):c.2338T>C (p.Phe780Leu)	478	ATP1A3	['CAGCAATATCCCGGAGATCACGCCCYTCCTGCTGTTCATCATGGCCAACAT']
1424	NM_000702.3(ATP1A2):c.2291T>C (p.Leu764Pro)	477	ATP1A2	['CCTCAGAATCTCCCCACAGGCCGCCYGATCTTTGACAACTTGAAGAAATCC']
1425	NM_000702.3(ATP1A2):c.2659T>C (p.Trp887Arg)	477	ATP1A2	['ACGGCTACTGGGAATCCGCCTCGACYGGGATGACCGGACCATGAATGATCT']
1426	NM_000702.3(ATP1A2):c.2192T>C (p.Met731Thr)	477	ATP1A2	['AAGAAGGCTGACATTGGCATTGCCAYGGGCATCTCTGGCTCTGACGTCTCT']
1427	NM_000702.3(ATP1A2):c.857T>C (p.Ile286Thr)	477	ATP1A2	['GGGCGGACACCCATAGCAATGGAGAYTGAACACTTCATCCAGCTGATCACA']
1428	NM_001035.2(RYR2):c.1298T>C (p.Leu433Pro)	6262	RYR2	['ATGTTTATGGTTTATTTTAGGGGCCYTGATGCTCTCAGCAAGAAAGCGAAG']
1429	NM_000540.2(RYR1):c.14693T>C (p.Ile4898Thr)	6261	RYR1	['GTGGGTGTCCGGGCTGGCGGAGGCAYTGGGGACGAGATCGAGGACCCCGCG']
1430	NM_000539.3(RHO):c.133T>C (p.Phe45Leu)	6010	RHO	['GTTCTCCATGCTGGCCGCCTACATGYTTCTGCTGATCGTGCTGGGCTTCCC']
1431	NM_000321.2(RB1):c.1960+2T>C	5925	RB1	['CTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGGYTAGTAGATGATTATTTTCAAGAGCA']
1432	NM_000321.2(RB1):c.2134T>C (p.Cys712Arg)	5925	RB1	['TATGATGTGTTCCATGTATGGCATAYGCAAAGTGAAGAATATAGACCTTAA']
1433	NM_000329.2(RPE65):c.1022T>C (p.Leu341Ser)	6121	RPE65	['AGATTTGAGTTTGTTTATAATTACTYATATTTAGCCAATTTACGTGAGAAC']
1434	NM_000322.4(PRPH2):c.554T>C (p.Leu185Pro)	5961	PRPH2	['ATTCAGTGGATCAGCAATCGCTACCYGGACTTTTCCTCCAAAGAAGTCAAA']
1435	NM_000322.4(PRPH2):c.2T>C	5961	PRPH2	['CAACCCGGACTACACTTGGCAAGCAYGGCG

【表６－３６】

	(p.Met1Thr)			CTACTGAAAGTCAAGTTTGAC']
1436	NM_001098668.2(SFTPA2):c.593T>C (p.Phe198Ser)	729238	SFTPA2	['ACTGAGGGTCCCAGCCCTGGAGACTYCCGCTACTCAGATGGGACCCCTGTA']
1437	NM_003018.3(SFTPC):c.218T>C (p.Ile73Thr)	6440	SFTPC	['TTTCCCCAGGTTCTGGAGATGAGCAHTGGGGCGCCGGAAGCCCAGCAACGC']
1438	NM_003018.3(SFTPC):c.581T>C (p.Leu194Pro)	6440	SFTPC	['AGCACCCTGTGTGGCGAGGTGCCGCYCTACTACATCTAGGACGCCTCCGGT']
1439	NM_000055.2(BCHE):c.1004T>C (p.Leu335Pro)	590	BCHE	['CTCACTGACATGCCAGACATATTACYTGAACTTGGACAATTTAAAAAAACC']
1440	NM_002739.3(PRKCG):c.355T>C (p.Ser119Pro)	5582	PRKCG	['CCCCACCTTCTGCGACCACTGTGGCYCCCTCCTCTACGGGCTTGTGCACCA']
1441	NM_002739.3(PRKCG):c.1927T>C (p.Phe643Leu)	5582	PRKCG	['ACAGTGTGGCCGCAGCGGCGAGAACYTTGACAAGTTCTTCACGCGGGCGGC']
1442	NM_000141.4(FGFR2):c.1018T>C (p.Tyr340His)	2263	FGFR2	['TGTAACTTTTGAGGACGCTGGGGAAYATACGTGCTTGGCGGGTAATTCTAT']
1443	NM_000141.4(FGFR2):c.1024T>C (p.Cys342Arg)	2263	FGFR2	['TTTTGAGGACGCTGGGGAATATACGHGCTTGGCGGGTAATTCTATTGGGAT']
1444	NM_000141.4(FGFR2):c.868T>C (p.Trp290Arg)	2263	FGFR2	['CAGTGATGCCCAGCCCCACATCCAGBGGATCAAGCACGTGGAAAAGAACGG']
1445	NM_000141.4(FGFR2):c.799T>C (p.Ser267Pro)	2263	FGFR2	['CCAAGCCGGACTGCCGGCAAATGCCYCCACAGTGGTCGGAGGAGACGTAGA']
1446	NM_000506.3(F2):c.1139T>C (p.Met380Thr)	2147	F2	['CCTGCTGCCCCTCCCAGGCAGGTGAYGCTTTTCCGGAAGAGTCCCCAGGAG']
1447	NM_000313.3(PROS1):c.1501T>C (p.Ser501Pro)	5627	PROS1	['TTCATTATTTTAAATAGATAATGTABCCAGTGCTGAGGGTTGGCATGTAAA']
1448	NM_002834.3(PTPN11):c.854T>C (p.Phe285Ser)	5781	PTPN11	['TGACCGTGGTCTCTTTTTCTTCTAGNTGATCATACCAGGGTTGTCCTACAC']
1449	NM_002755.3(MAP2K1):c.158T>C (p.Phe53Ser)	5604	MAP2K1	['CAGCAGCGAAAGCGCCTTGAGGCCTYTCTTACCCAGAAGCAGAAGGTGGGA']
1450	NM_001042465.1(PSAP):c.1055T>C (p.Leu352Pro)	5660	PSAP	['GCTTTTGACAAAATGTGCTCGAAGCYGCCGAAGTCCCTGTCGGAAGAGTGC']
1451	NM_000207.2(INS):c.143T>C (p.Phe48Ser)	-1	-	['TACCTAGTGTGCGGGGAACGAGGCTBCTTCTACACACCCAAGACCCGCCGG']
1452	NM_000311.3(PRNP):c.593T>C (p.Phe198Ser)	5621	PRNP	['ACCACAACCACCAAGGGGGAGAACTYCACCGAGACCGACGTTAAGATGATG']
1453	NM_000371.3(TTR):c.149T>C (p.Val50Ala)	7276	TTR	['GGCAGTCCTGCCATCAATGTGGCCGBGCATGTGTTCAGAAAGGCTGCTGAT']
1454	NM_000371.3(TTR):c.224T>C (p.Leu75Pro)	7276	TTR	['AGGAAAACCAGTGAGTCTGGAGAGCYGCATGGGCTCACAACTGAGGAGGAA']
1455	NM_000371.3(TTR):c.88T>C (p.Cys30Arg)	7276	TTR	['CACCCAGGGCACCGGTGAATCCAAGYGTCCTCTGATGGTCAAAGTTCTAGA']
1456	NM_000371.3(TTR):c.272T>C (p.Val91Ala)	7276	TTR	['GAATTTGTAGAAGGGATATACAAAGYGGAAATAGACACCAAATCTTACTGG']
1457	NM_000371.3(TTR):c.400T>C	7276	TTR	['CACCATTGCCGCCCTGCTGAGCCCCYACTCC

【表６－３７】

	(p.Tyr134His)			TATTCCACCACGGCTGTCGT']
1458	NM_000371.3(TTR):c.250T>C (p.Phe84Leu)	7276	TTR	['GCATGGGCTCACAACTGAGGAGGAAYTTGT AGAAGGGATATACAAAGTGGA']
1459	NM_000371.3(TTR):c.157T>C (p.Phe53Leu)	7276	TTR	['TGCCATCAATGTGGCCGTGCATGTGHTCAGA AAGGCTGCTGATGACACCTG']
1460	NM_000371.3(TTR):c.95T>C (p.Leu32Pro)	7276	TTR	['GGCACCGGTGAATCCAAGTGTCCTCYGATG GTCAAAGTTCTAGATGCTGTC']
1461	NM_000371.3(TTR):c.191T>C (p.Phe64Ser)	7276	TTR	['GCTGCTGATGACACCTGGGAGCCATYTGCCT CTGGGTAAGTTGCCAAAGAA']
1462	NM_000371.3(TTR):c.265T>C (p.Tyr89His)	7276	TTR	['TGAGGAGGAATTTGTAGAAGGGATAYACAA AGTGGAAATAGACACCAAATC']
1463	NM_000217.2(KCNA1):c.1223T >C (p.Val408Ala)	3736	KCNA1	['ATTGCCCTGCCCGTACCTGTCATTGYGTCCA ATTTCAACTATTTCTACCAC']
1464	NM_000174.4(GP9):c.212T>C (p.Phe71Ser)	2815	GP9	['CTTCAGTCCGTGCCCCCGGGAGCCTBTGACC ACCTGCCCCAGCTGCAGACC']
1465	NM_000174.4(GP9):c.167T>C (p.Leu56Pro)	2815	GP9	['GCCCTGCCGGCCCGCACCCGCCACCYTCTGC TGGCCAACAACAGCCTTCAG']
1466	NM_000174.4(GP9):c.70T>C (p.Cys24Arg)	2815	GP9	['GGCCACCAAGGACTGCCCCAGCCCAYGTAC CTGCCGCGCCCTGGAAACCAT']
1467	NM_000174.4(GP9):c.20T>C (p.Leu7Pro)	2815	GP9	['TGTCCCATGCCTGCCTGGGGAGCCCYGTTCC TGCTCTGGGCCACAGCAGAG']
1468	NM_001001547.2(CD36):c.760T >C (p.Phe254Leu)	948	CD36	['CGATTTTTAAACAGATGCAGCCTCABTTCCA CCTTTTGTTGAGAAAAGCCA']
1469	NM_000212.2(ITGB3):c.2332T> C (p.Ser778Pro)	-1	-	['CAACCCACTGTATAAAGAGGCCACGYCTAC CTTCACCAATATCACGTACCG']
1470	NM_000212.2(ITGB3):c.176T> C (p.Leu59Pro)	3690	ITGB3	['GCTCCTGTCTTACAGGCCCTGCCTCYGGGCT CACCTCGCTGTGACCTGAAG']
1471	NM_000301.3(PLG):c.1771T>C (p.Ser591Pro)	5340	PLG	['AGGGGGGTGTGTGGCCCACCCACATYCCTG GCCCTGGCAAGTCAGTCTTAG']
1472	NM_001122757.2(POU1F1):c.65 5T>C (p.Trp219Arg)	5449	POU1F1	['CAAACTGAAAGCAATATTATCCAAAYGGCT GGAGGAAGCTGAGCAAGTAGG']
1473	NM_000293.2(PHKB):c.2923T> C (p.Tyr975His)	5257	PHKB	['ACCAACCCTGTCAGATATGACCATGHATGA GATGAATTTCTCTCTCCTTGT']
1474	NM_004577.3(PSPH):c.155T>C (p.Met52Thr)	5723	PSPH	['CTCCCTCCTAGGACACGGCGAGCCAYGGGC GGGGCAGTGCCTTTCAAAGCT']
1475	NM_000175.3(GPI):c.1574T>C (p.Ile525Thr)	2821	GPI	['CTGGGAAAGCAGCTGGCTAAGAAAABAGAG CCTGAGCTTGATGGCAGTGCT']
1476	NM_000175.3(GPI):c.1016T>C (p.Leu339Pro)	2821	GPI	['TTTGGGTGTGAGACACACGCCATGCYGCCCT ATGACCAGTACCTGCACCGC']
1477	NM_000478.4(ALPL):c.1306T> C (p.Tyr436His)	249	ALPL	['ACGAGAGAATGTCTCCATGGTGGACYATGG TGAGACCTCCAGGACCCAGGG']
1478	NM_000478.4(ALPL):c.979T>C (p.Phe327Leu)	249	ALPL	['GATCCTGCGGAAGAACCCCAAAGGCYTCTT CTTGCTGGTGGAAGGTAGGGA']
1479	NM_018849.2(ABCB4):c.1207T	5244	ABCB4	['GGAGTTCAATGATGTTCACTTTTCTYACCCT

【表６－３８】

	>C (p.Tyr403His)			TCTCGAGCTAACGTCAAGGT']
1480	NM_198965.1(PTHLH):c.179T>C (p.Leu60Pro)	5744	PTHLH	['CAAGATTTACGGCGACGATTCTTCCYTCACCATCTGATCGCAGAAATCCAC']
1481	NM_198965.1(PTHLH):c.131T>C (p.Leu44Pro)	5744	PTHLH	['AGAGCTGTGTCTGAACATCAGCTCCYCCATGACAAGGGGAAGTCCATCCAA']
1482	NM_000315.2(PTH):c.52T>C (p.Cys18Arg)	5741	PTH	['AGTTATGATTGTCATGTTGGCAATTYGTTTTCTTACAAAATCGGATGGGAA']
1483	NM_000315.2(PTH):c.67T>C (p.Ser23Pro)	5741	PTH	['GTTGGCAATTTGTTTTCTTACAAAAYCGGATGGGAAATCTGTTAAGTAAGT']
1484	NM_003122.4(SPINK1):c.2T>C (p.Met1Thr)	6690	SPINK1	['ACCTCTGGACGCAGAACTTCAGCCAYGAAGGTAACAGGCATCTTTCTTCTC']
1485	NM_003122.4(SPINK1):c.41T>C (p.Leu14Pro)	6690	SPINK1	['ATCTTTCTTCTCAGTGCCTTGGCCCBGTTGAGTCTATCTGGTAAGTGTTGC']
1486	NM_006194.3(PAX9):c.62T>C (p.Leu21Pro)	5083	PAX9	['GGAGTGTTCGTGAACGGGAGGCCGCYGCCCAACGCCATCCGGCTTCGCATC']
1487	NM_005188.3(CBL):c.1111T>C (p.Tyr371His)	867	CBL	['TTAATCAAAGGAACAATATGAATTAHACTGTGAGATGGGCTCCACATTCCA']
1488	NM_005247.2(FGF3):c.466T>C (p.Ser156Pro)	2248	FGF3	['CAGCGCCGAGAGACTGTGGTACGTGYCTGTGAACGGCAAGGGCCGGCCCCG']
1489	NM_005247.2(FGF3):c.17T>C (p.Leu6Pro)	2248	FGF3	['GATGCCACGATGGGCCTAATCTGGCYGCTACTGCTCAGCCTGCTGGAGCCC']
1490	NM_000222.2(KIT):c.1676T>C (p.Val559Ala)	3815	KIT	['CCCATGTATGAAGTACAGTGGAAGGNTGTTGAGGAGATAAATGGAAACAAT']
1491	NM_005249.4(FOXG1):c.643T>C (p.Phe215Leu)	2290	FOXG1	['CATCTACGAGTTCATCATGAAGAACYTCCCTTACTACCGCGAGAACAAGCA']
1492	NM_001127500.1(MET):c.3446T>C (p.Met1149Thr)	4233	MET	['CAATTTCTGACCGAGGGAATCATCAYGAAAGATTTTAGTCATCCCAATGTC']
1493	NM_020975.4(RET):c.1858T>C (p.Cys620Arg)	5979	RET	['CTTCCCTGAGGAGGAGAAGTGCTTCNGCGAGCCCGAAGACATCCAGGGTGA']
1494	NM_020975.4(RET):c.1900T>C (p.Cys634Arg)	5979	RET	['CACAGATCCACTGTGCGACGAGCTGNGCCGCACGGTGATCGCAGCCGCTGT']
1495	NM_020975.4(RET):c.2753T>C (p.Met918Thr)	5979	RET	['TAGGGTCGGATTCCAGTTAAATGGAYGGCAATTGAATCCCTTTTTGATCAT']
1496	NM_020630.4(RET):c.1852T>C (p.Cys618Arg)	5979	RET	['CAACTGCTTCCCTGAGGAGGAGAAGNGCTTCTGCGAGCCCGAAGACATCCA']
1497	NM_020630.4(RET):c.1825T>C (p.Cys609Arg)	5979	RET	['GGGGATTAAAGCTGGCTATGGCACCNGCAACTGCTTCCCTGAGGAGGAGAA']
1498	NM_013251.3(TAC3):c.269T>C (p.Met90Thr)	6866	TAC3	['ATGCATGACTTCTTTGTGGGACTTAYGGGCAAGAGGAGCGTCCAGCCAGGT']
1499	NM_006158.4(NEFL):c.281T>C (p.Leu94Pro)	4747	NEFL	['ATCCGCACGCAGGAGAAGGCGCAGCYCCAGGACCTCAATGACCGCTTCGCC']
1500	NM_006177.3(NRL):c.479T>C (p.Leu160Pro)	4901	NRL	['TGCGGGCGCGACGAGGCGCTGCGGCYGAAGCAGAGGCGCCGCACGCTGAAG']
1501	NM_000432.3(MYL2):c.52T>C	4633	MYL2	['AGCCGGGGGCGCCAACTCCAACGTGYTCTC

【表６－３９】

	(p.Phe18Leu)			CATGTTCGAACAGACCCAAAT']
1502	NM_000257.3(MYH7):c.1046T>C (p.Met349Thr)	4625	MYH7	['TTCACTTCAGAGGAGAAAAACTCCAYGTATAAGCTGACAGGCGCCATCATG']
1503	NM_000257.3(MYH7):c.1594T>C (p.Ser532Pro)	4625	MYH7	['GCTTCCTCAGCCCATGGGCATCATGYCCATCCTGGAAGAGGAGTGCATGTT']
1504	NM_000257.3(MYH7):c.5378T>C (p.Leu1793Pro)	4625	MYH7	['AACATGGAACAGACCATTAAGGACCYGCAGCACCGGCTGGACGAAGCCGAG']
1505	NM_001040113.1(MYH11):c.3791T>C (p.Leu1264Pro)	4629	MYH11	['GAGGTGGAACATAAGAAGAAGAAGCYGGAGGCGCAGGTGCAGGAGCTGCAG']
1506	NM_000530.6(MPZ):c.404T>C (p.Ile135Thr)	4359	MPZ	['TGTGACGTCAAAAACCCTCCAGACAYAGTGGGCAAGACCTCTCAGGTCACG']
1507	NM_000530.6(MPZ):c.341T>C (p.Ile114Thr)	4359	MPZ	['CGCTGGAAGGATGGCTCCATTGTCAYACACAACCTAGACTACAGTGACAAT']
1508	NM_016835.4(MAPT):c.1839T>C (p.Asn613=)	4137	MAPT	['AGTCCAAGTGTGGCTCAAAGGATAAYATCAAACACGTCCCGGGAGGCGGCA']
1509	NM_198159.2(MITF):c.1051T>C (p.Ser351Pro)	4286	MITF	['GAACAAGGGAACCATCTTAAAAGCAYCCGTGGACTATATCCGAAAGTTGCA']
1510	NM_198159.2(MITF):c.1195T>C (p.Ser399Pro)	4286	MITF	['AATGCAGGCTCGAGCTCATGGACTTYCCCTTATTCCATCCACGGGTCTCTG']
1511	NM_000426.3(LAMA2):c.7691T>C (p.Leu2564Pro)	3908	LAMA2	['ACCAAGAATGAGTCCGGCATCATTCYTTTGGGAAGTGGAGGGACACCAGCA']
1512	NM_000426.3(LAMA2):c.2584T>C (p.Cys862Arg)	3908	LAMA2	['ACAACCCTCTGTACCTGGAGGATCAYGTCAGCCATGCCAATGCAATGACAA']
1513	NM_002435.2(MPI):c.413T>C (p.Met138Thr)	4351	MPI	['CCCGATGCCAACCACAAGCCAGAGAYGGCCATTGCCCTCACCCCCTTCCAG']
1514	NM_000239.2(LYZ):c.221T>C (p.Ile74Thr)	4069	LYZ	['GGAGACAGAAGCACTGATTATGGGAYATTTCAGATCAATAGCCGCTACTGG']
1515	NM_000239.2(LYZ):c.244T>C (p.Trp82Arg)	4069	LYZ	['GATATTTCAGATCAATAGCCGCTACHGGTGTAATGATGGCAAAACCCCAGG']
1516	NM_000233.3(LHCGR):c.1627T>C (p.Cys543Arg)	-1	-	['CAATGTGGTGGCCTTCTTCATAATTYGTGCTTGCTACATTAAAATTTATTT']
1517	NM_000233.3(LHCGR):c.1193T>C (p.Met398Thr)	-1	-	['AAACTTACAGTGCCTCGTTTTCTCAYGTGCAATCTCTCCTTTGCAGACTTT']
1518	NM_000233.3(LHCGR):c.391T>C (p.Cys131Arg)	-1	-	['TCCTGTCCCTAATCACAGGAGCATCYGTAACACAGGCATCAGAAAGTTTCC']
1519	NM_000233.3(LHCGR):c.1103T>C (p.Leu368Pro)	-1	-	['GACTTCCTTAGGGTCCTGATTTGGCYGATTAATATTCTAGCCATCATGGGA']
1520	NM_000233.3(LHCGR):c.1505T>C (p.Leu502Pro)	-1	-	['TCTTCTCTAATTGCTATGTTGCCCCYTGTCGGTGTCAGCAATTACATGAAG']
1521	NM_170707.3(LMNA):c.1589T>C (p.Leu530Pro)	4000	LMNA	['TGCGGGAACAGCCTGCGTACGGCTCYCATCAACTCCACTGGGGAAGTAAGT']
1522	NM_170707.3(LMNA):c.1139T>C (p.Leu380Ser)	4000	LMNA	['GAGATCCACGCCTACCGCAAGCTCTYGGAGGGCGAGGAGGAGAGGTGGGCT']
1523	NM_002292.3(LAMB2):c.961T>	3913	LAMB2	['CAAACACAACACACGTGGCCTCAACYGCGA

【表６－４０】

	C (p.Cys321Arg)			GCAGTGTCAGGATTTCTATCG']
1524	NM_000228.2(LAMB3):c.565-3T>C	3914	LAMB3	['AAATCCATAAGGTTAAGTTGGACCTRCAGAGGGAAGGGAAAGAGAAGCGCT']
1525	NM_000421.3(KRT10):c.482T>C (p.Leu161Ser)	-1	-	['CTGAATGACCGCCTGGCTTCCTACTYGGACAAAGTTCGGGCTCTGGAAGAA']
1526	NM_000421.3(KRT10):c.449T>C (p.Met150Thr)	-1	-	['CTCTCTGGAAATGAAAAAGTAACCABGCAGAATCTGAATGACCGCCTGGCT']
1527	NM_000422.2(KRT17):c.263T>C (p.Met88Thr)	3872	KRT17	['CTGGCTGGAGGTGAGAAGGCCACCAHGCAGAACCTCAATGACCGCCTGGCC']
1528	NM_000422.2(KRT17):c.284T>C (p.Leu95Pro)	3872	KRT17	['ACCATGCAGAACCTCAATGACCGCCHGGCCTCCTACCTGGACAAGGTGCGT']
1529	NM_000422.2(KRT17):c.296T>C (p.Leu99Pro)	3872	KRT17	['CTCAATGACCGCCTGGCCTCCTACCYGGACAAGGTGCGTGCCCTGGAGGAG']
1530	NM_005557.3(KRT16):c.395T>C (p.Leu132Pro)	3868	KRT16	['CTCAATGACCGCCTGGCCTCCTACCYGGACAAGGTGCGTGCTCTGGAGGAG']
1531	NM_005557.3(KRT16):c.362T>C (p.Met121Thr)	3868	KRT16	['CTGGTGGGCAGTGAGAAGGTGACCAHGCAGAACCTCAATGACCGCCTGGCC']
1532	NM_000526.4(KRT14):c.1151T>C (p.Leu384Pro)	3861	KRT14	['ATGATTGGCAGCGTGGAGGAGCAGCYGGCCCAGCTCCGCTGCGAGATGGAG']
1533	NM_000526.4(KRT14):c.356T>C (p.Met119Thr)	3861	KRT14	['CTGGTGGGCAGTGAGAAGGTGACCAYGCAGAACCTCAATGACCGCCTGGCC']
1534	NM_000526.4(KRT14):c.1243T>C (p.Tyr415His)	3861	KRT14	['GCGGCTGGAGCAGGAGATCGCCACCYACCGCCGCCTGCTGGAGGGCGAGGA']
1535	NM_153490.2(KRT13):c.356T>C (p.Leu119Pro)	3860	KRT13	['CTCAACGACCGCCTGGCTTCCTACCYGGAGAAGGTGCGCGCCCTGGAGGAG']
1536	NM_002273.3(KRT8):c.160T>C (p.Tyr54His)	3856	KRT8	['CTTTCGCGGTGGCCTGGGCGGCGGCHATGGTGGGGCCAGCGGCATGGGAGG']
1537	NM_000424.3(KRT5):c.1388T>C (p.Leu463Pro)	3852	KRT5	['GAGCTCATGAACACCAAGCTGGCCCYGGACGTGGAGATCGCCACTTACCGC']
1538	NM_000424.3(KRT5):c.980T>C (p.Met327Thr)	3852	KRT5	['TCTGACACCTCAGTGGTCCTCTCCAHGGACAACAACCGCAACCTGGACCTG']
1539	NM_000424.3(KRT5):c.20T>C (p.Val7Ala)	3852	KRT5	['GCCACCATGTCTCGCCAGTCAAGTGYGTCCTTCCGGAGCGGGGGCAGTCGT']
1540	NM_000424.3(KRT5):c.541T>C (p.Ser181Pro)	3852	KRT5	['CAAGACCCTCAACAATAAGTTTGCCYCCTTCATCGACAAGGTGAGCTACGA']
1541	NM_000208.2(INSR):c.779T>C (p.Leu260Pro)	3643	INSR	['TGCGTGGCCTGCCGCAACTTCTACCYGGACGGCAGGTGTGTGGAGACCTGC']
1542	NM_000208.2(INSR):c.164T>C (p.Val55Ala)	3643	INSR	['TTGCATGAGCTGGAGAATTGCTCTGYCATCGAAGGACACTTGCAGATACTC']
1543	NM_002198.2(IRF1):c.31T>C (p.Trp11Arg)	3659	IRF1	['CATCACTCGGATGCGCATGAGACCCYGGCTAGAGATGCAGATTAATTCCAA']
1544	NM_000213.3(ITGB4):c.467T>C (p.Leu156Pro)	3691	ITGB4	['AACCTCAAGAAGATGGGGCAGAACCYGGGTACGGCAGGGCCAGAGTGGAGG']
1545	NM_000213.3(ITGB4):c.1684T>	3691	ITGB4	['CCGAGGACGCTGCTCCATGGGCCAGYGTGT

【表６－４１】

	C (p.Cys562Arg)			GTGTGAGCCTGGTTGGACAGG']
1546	NM_000213.3(ITGB4):c.112T>C (p.Cys38Arg)	3691	ITGB4	['CTGCAAGAAGGCCCCAGTGAAGAGCYGCACGGAGTGTGTCCGTGTGGATAA']
1547	NM_000454.4(SOD1):c.338T>C (p.Ile113Thr)	6647	SOD1	['ATCTCACTCTCAGGAGACCATTGCAYCATTGGCCGCACACTGGTGGTAAGT']
1548	NM_000454.4(SOD1):c.434T>C (p.Leu145Ser)	6647	SOD1	['AAGACAGGAAACGCTGGAAGTCGTTYGGCTTGTGGTGTAATTGGGATCGCC']
1549	NM_000454.4(SOD1):c.455T>C (p.Ile152Thr)	6647	SOD1	['CGTTTGGCTTGTGGTGTAATTGGGAYCGCCCAATAAACATTCCCTTGGATG']
1550	NM_001025107.2(ADAR):c.1883T>C (p.Leu628Pro)	103	ADAR	['ACCAGACTTTCTTTTTGTAGGTTTCYCTACAGTGAGTTAATGAAATACAAC']
1551	NM_001025107.2(ADAR):c.2609T>C (p.Phe870Ser)	103	ADAR	['TCCAAAAAGAACATTTTTCTTCTATYTAAGAAGCTCTGCTCCTTCCGTTAC']
1552	NM_002185.3(IL7R):c.197T>C (p.Ile66Thr)	3575	IL7R	['CCATATTTCAAATTCCAGATTGGTGRTGTTGACATCTGGGTCCTCAAAAGC']
1553	NM_033500.2(HK1):c.1550T>C (p.Leu517Ser)	3098	HK1	['ACTGCAACAGAGAATGGTGACTTCTYGGCCCTGGATCTTGGAGGAACCAAT']
1554	NM_000184.2(HBG2):c.-228T>C	3048	HBG2	['CTTCCCCACACTATCTCAATGCAAAYATCTGTCTGAAACGGTCCCTGGCTA']
1555	NM_000184.2(HBG2):c.125T>C (p.Phe42Ser)	3048	HBG2	['GTTGTCTACCCATGGACCCAGAGGTYCTTTGACAGCTTTGGCAACCTGTCC']
1556	NM_000559.2(HBG1):c.-251T>C	3047	HBG1	['TAGCAGTATCCTCTTGGGGGCCCCTYCCCCACACTATCTCAATGCAAATAT']
1557	NM_000519.3(HBD):c.-127T>C	3045	HBD	['TCTCACAAACTAATGAAACCCTGCTYATCTTAAACCAACCTGCTCACTGGA']
1558	NM_000518.4(HBB):c.257T>C (p.Phe86Ser)	3043	HBB	['CACCTGGACAACCTCAAGGGCACCTYTGCCACACTGAGTGAGCTGCACTGT']
1559	NM_000518.4(HBB):c.128T>C (p.Phe43Ser)	3043	HBB	['GTCTACCCTTGGACCCAGAGGTTCTBTGAGTCCTTTGGGGATCTGTCCACT']
1560	NM_000518.4(HBB):c.337T>C (p.Cys113Arg)	3043	HBB	['ACAGCTCCTGGGCAACGTGCTGGTCYGTGTGCTGGCCCATCACTTTGGCAA']
1561	NM_000518.4(HBB):c.127T>C (p.Phe43Leu)	3043	HBB	['GGTCTACCCTTGGACCCAGAGGTTCBTTGAGTCCTTTGGGGATCTGTCCAC']
1562	NM_000518.4(HBB):c.332T>C (p.Leu111Pro)	3043	HBB	['CTCCCACAGCTCCTGGGCAACGTGCYGGTCTGTGTGCTGGCCCATCACTTT']
1563	NM_000518.4(HBB):c.92+6T>C	3043	HBB	['GGTGGTGAGGCCCTGGGCAGGTTGGHATCAAGGTTACAAGACAGGTTTAAG']
1564	NM_000518.4(HBB):c.344T>C (p.Leu115Pro)	3043	HBB	['CTGGGCAACGTGCTGGTCTGTGTGCYGGCCCATCACTTTGGCAAAGAATTC']
1565	NM_000517.4(HBA2):c.427T>C (p.Ter143Gln)	3040	HBA2	['CACCGTGCTGACCTCCAAATACCGTNAAGCTGGAGCCTCGGTAGCCGTTCC']
1566	NM_000517.4(HBA2):c.2T>C (p.Met1Thr)	3040	HBA2	['CCACAGACTCAGAGAGAACCCACCAYGGTGCTGTCTCCTGCCGACAAGACC']
1567	NM_000517.4(HBA2):c.89T>C	3040	HBA2	['GCTGGCGAGTATGGTGCGGAGGCCCYGGAG

【表６－４２】

	(p.Leu30Pro)			AGGTGAGGCTCCCTCCCCTGC']
1568	NM_006121.3(KRT1):c.482T>C (p.Leu161Pro)	3848	KRT1	['CAAGAAGTCACTATCAACCAGAGCCYTCTTC AGCCCCTCAATGTGGAGATT']
1569	NM_006121.3(KRT1):c.1436T> C (p.Ile479Thr)	3848	KRT1	['ACCAAGCTGGCCCTGGATCTGGAGAYTGCC ACCTACAGGACCCTCCTGGAG']
1570	NM_006121.3(KRT1):c.1424T> C (p.Leu475Pro)	3848	KRT1	['GAGCTGATGAACACCAAGCTGGCCCYGGAT CTGGAGATTGCCACCTACAGG']
1571	NM_001077488.3(GNAS):c.299 T>C (p.Leu100Pro)	2778	GNAS	['AAAGTGCAGGACATCAAAAACAACCYGAAA GAGGCGATTGAAGTACGTGCT']
1572	NM_000515.4(GH1):c.291+6T> C	2688	GH1	['AGGAAACACAACAGAAATCCGTGAGYGGAT GCCTTCTCCCCAGGCGGGGAT']
1573	NM_002087.3(GRN):c.2T>C (p.Met1Thr)	2896	GRN	['TCCTTGGTACTTTGCAGGCAGACCAYGTGGA CCCTGGTGAGCTGGGTGGCC']
1574	NM_021957.3(GYS2):c.1447T> C (p.Ser483Pro)	2998	GYS2	['GGTGATTTTGCACCCAGAGTTTCTAYCCTCC ACCAGTCCCTTACTACCCAT']
1575	NM_001083112.2(GPD2):c.1904 T>C (p.Phe635Ser)	2820	GPD2	['AGGTATAAGAAGAGATTTCATAAGTYTGAT GCAGACCAGAAAGGCTTTATT']
1576	NM_000340.1(SLC2A2):c.1166 T>C (p.Leu389Pro)	6514	SLC2A2	['ATCTTCATGTCAGTGGGACTTGTGCBGCTGG TAAGTTTGGTGCCTGCACTG']
1577	NM_005271.3(GLUD1):c.1501T >C (p.Ser501Pro)	2746	GLUD1	['GTGTTCTTTTCCCTAATAGGGTGCAYCTGAG AAAGACATCGTGCACTCTGG']
1578	NM_000162.3(GCK):c.391T>C (p.Ser131Pro)	2645	GCK	['CTTCGACTACATCTCTGAGTGCATCYCCGAC TTCCTGGACAAGCATCAGAT']
1579	NM_001018077.1(NR3C1):c.171 2T>C (p.Val571Ala)	2908	NR3C1	['CTCAACATGTTAGGAGGGCGGCAAGYGATT GCAGCAGTGAAATGGGCAAAG']
1580	NM_001018077.1(NR3C1):c.231 8T>C (p.Leu773Pro)	2908	NR3C1	['TCAAATGGAAATATCAAAAAACTTCYGTTTC ATCAAAAGTGACTGCCTTAA']
1581	NM_001018077.1(NR3C1):c.220 9T>C (p.Phe737Leu)	2908	NR3C1	['GGTTGAAAATCTCCTTAACTATTGCYTCCAA ACATTTTTGGATAAGACCAT']
1582	NM_002055.4(GFAP):c.1055T> C (p.Leu352Pro)	2670	GFAP	['CGCCACTTGCAGGAGTACCAGGACCYGCTC AATGTCAAGCTGGCCCTGGAC']
1583	NM_002353.2(TACSTD2):c.557 T>C (p.Leu186Pro)	4070	TACSTD2	['CGGCTCTTCCGCGAGCGCTATCGGCYGCACC CCAAGTTCGTGGCGGCCGTG']
1584	NM_000821.6(GGCX):c.896T> C (p.Phe299Ser)	2677	GGCX	['TTTCTCCCTGCTTTCCTAGGTATGTYCTCCTA CGTCATGCTGGCCAGCAGC']
1585	NM_000145.3(FSHR):c.479T>C (p.Ile160Thr)	2492	FSHR	['CAAGATAACATAAACATCCACACAAYTGAA AGAAATTCTTTCGTGGGGCTG']
1586	NM_000145.3(FSHR):c.1634T> C (p.Ile545Thr)	2492	FSHR	['CTCAATGTCCTGGCCTTTGTGGTCAYCTGTG GCTGCTATATCCACATCTAC']
1587	NM_182925.4(FLT4):c.3131T>C (p.Leu1044Pro)	2324	FLT4	['AGAGACCTGGCTGCTCGGAACATTCYGCTGT CGGAAAGCGACGTGGTGAAG']
1588	NM_182925.4(FLT4):c.3257T>C (p.Ile1086Thr)	2324	FLT4	['CTGAAGTGGATGGCCCCTGAAAGCAYCTTC GACAAGGTGTACACCACGCAG']
1589	NM_023110.2(FGFR1):c.899T>	2260	FGFR1	['CACATCGAGGTGAATGGGAGCAAGAYTGGC

【表６－４３】

	C (p.Ile300Thr)			CCAGACAACCTGCCTTATGTC']
1590	NM_023110.2(FGFR1):c.1141T>C (p.Cys381Arg)	2260	FGFR1	['CCTGTACCTGGAGATCATCATCTATYGCACAGGGGCCTTCCTCATCTCCTG']
1591	NM_000138.4(FBN1):c.4987T>C (p.Cys1663Arg)	2200	FBN1	['TCCTGGAATCTGTGGTCCAGGGACAYGTTACAACACCGTTGGCAACTACAC']
1592	NM_000138.4(FBN1):c.3220T>C (p.Cys1074Arg)	2200	FBN1	['CTGTTTTTGTGCAGACATTGACGAAYGCCGCATATCTCCTGACCTCTGTGG']
1593	NM_000138.4(FBN1):c.3793T>C (p.Cys1265Arg)	2200	FBN1	['TATCCCTGGAGAGTACAGGTGCTTGYGTTATGATGGATTCATGGCATCTGA']
1594	NM_000043.4(FAS):c.532T>C (p.Cys178Arg)	355	FAS	['ATCCAGATCTAACTTGGGGTGGCTTYGTCTTCTTCTTTTGCCAATTCCACT']
1595	NM_000043.4(FAS):c.651+2T>C	355	FAS	['CATGAATCTCCAACTTTAAATCCTGHAGGTATTGAAATAGGTATCAGCTTT']
1596	NM_000129.3(F13A1):c.728T>C (p.Met243Thr)	2162	F13A1	['ATCCTGGACACTTGCCTGTATGTGAYGGACAGAGCACAAATGGACCTCTCT']
1597	NM_000186.3(CFH):c.1606T>C (p.Cys536Arg)	3075	CFH	['GCTGAATGACACATTGGACTATGAAYGCCATGATGGTTATGAAAGCAATAC']
1598	NM_000123.3(ERCC5):c.2573T>C (p.Leu858Pro)	-1	-	['AAGTTAATAAATTTGGCTTATTTGCYTGGAAGTGATTATACCGAAGGAATA']
1599	NM_000122.1(ERCC3):c.296T>C (p.Phe99Ser)	2071	ERCC3	['CCAGTTTACAAATATGCCCAAGACTYCTTGGTGGCTATTGCAGAGCCAGTG']
1600	NM_001113755.2(TYMP):c.854T>C (p.Leu285Pro)	1890	TYMP	['CTGGGTCGCTGCGTGGGCCACGCCCYGGAGGTGGAGGAGGCGCTGCTCTGC']
1601	NM_000118.3(ENG):c.2T>C (p.Met1Thr)	2022	ENG	['CGCACAGGCCCCCACGTGGACAGCAYGGACCGCGGCACGCTCCCTCTGGCT']
1602	NM_203342.2(EPB41):c.2T>C (p.Met1Thr)	2035	EPB41	['AAACCAATCAGAAAACACAGGAACABGCACTGCAAGGTTTCTTTGTTGGAT']
1603	NM_001972.2(ELANE):c.211T>C (p.Cys71Arg)	1991	ELANE	['CAACTTCGTCATGTCGGCCGCGCACYGCGTGGCGAATGTGTGAGTAGCCGG']
1604	NM_000400.3(ERCC2):c.1454T>C (p.Leu485Pro)	2068	ERCC2	['ACCATGGCAACCTTCACCATGACGCYGGCACGGGTCTGCCTCTGCCCTATG']
1605	NM_000281.3(PCBD1):c.244T>C (p.Cys82Arg)	5092	PCBD1	['CCACATCACGCTGAGCACCCATGAGYGTGCCGGCCTTTCAGAACGGGACAT']
1606	NM_001927.3(DES):c.1034T>C (p.Leu345Pro)	1674	DES	['CCCCCTCTCCTGCAGAACGATTCCCYGATGAGGCAGATGCGGGAATTGGAG']
1607	NM_001927.3(DES):c.1154T>C (p.Leu385Pro)	1674	DES	['CTCAAGGATGAGATGGCCCGCCATCYGCGCGAGTACCAGGACCTGCTCAAC']
1608	NM_000498.3(CYP11B2):c.1157T>C (p.Val386Ala)	-1	-	['GTTCTGAAGCACCAAGTCTGAGCTCRCCACTCGCTCCAAAAACAGACCCAC']
1609	NM_000498.3(CYP11B2):c.1382T>C (p.Leu461Pro)	-1	-	['CGGCGCCTGGCAGAGGCAGAGATGCYGCTGCTGCTGCACCACGTAAGCAGG']
1610	NM_001886.2(CRYBA4):c.281T>C (p.Phe94Ser)	1413	CRYBA4	['TACCCCGCCGAGAGGCTCACCTCCTYCCGGCCTGCGGCCTGTGCTGTAAGT']
1611	NM_001886.2(CRYBA4):c.206T	1413	CRYBA4	['GGCTTCCAAGGGCAGCAGTACATTCYGGAA

【表６－４４】

	>C (p.Leu69Pro)			CGAGGCGAATATCCAAGCTGG']
1612	NM_000762.5(CYP2A6):c.670T>C (p.Ser224Pro)	-1	-	['GCAACCCCAGCTCTATGAGATGTTCYCTTCGGTGATGAAACACCTGCCAGG']
1613	NM_000165.4(GJA1):c.52T>C (p.Ser18Pro)	2697	GJA1	['ACTCCTTGACAAGGTTCAAGCCTACYCAACTGCTGGAGGGAAGGTGTGGCT']
1614	NM_000165.4(GJA1):c.32T>C (p.Leu11Pro)	2697	GJA1	['GACTGGAGCGCCTTAGGCAAACTCCYTGACAAGGTTCAAGCCTACTCAACT']
1615	NM_004004.5(GJB2):c.101T>C (p.Met34Thr)	2706	GJB2	['CTCCTTTGCAGCCACAACGAGGATCVTAATGCGAAAAATGAAGAGGACGGT']
1616	NM_004004.5(GJB2):c.229T>C (p.Trp77Arg)	2706	GJB2	['CTTCCCCATCTCCCACATCCGGCTAYGGGCCCTGCAGCTGATCTTCGTGTC']
1617	NM_004004.5(GJB2):c.269T>C (p.Leu90Pro)	2706	GJB2	['ATCTTCGTGTCCACGCCAGCGCTCCYAGTGGCCATGCACGTGGCCTACCGG']
1618	NM_005215.3(DCC):c.503T>C (p.Met168Thr)	1630	DCC	['AAGTGTGAAGTCATTGGGGAGCCCAYGCCAACAATCCACTGGCAGAAGAAC']
1619	NM_001849.3(COL6A2):c.2329T>C (p.Cys777Arg)	1292	COL6A2	['GAGTGAAAACCTCTACTCCATCGCCYGCGACAAGCCACAGCAGGTGCGCAA']
1620	NM_000090.3(COL3A1):c.582+6T>C	1281	COL3A1	['CTGGTCATCCTGGTTCCCCTGTAAGHATAGCCATTGGTGGTGTTTTCTTCC']
1621	NM_000089.3(COL1A2):c.279+2T>C	1278	COL1A2	['GTTGGACTTGGCCCTGGACCAATGGYATGCTTATCTGTTTATCTTAGCCAA']
1622	NM_000089.3(COL1A2):c.3105+2T>C	1278	COL1A2	['TTGCAAGGTCTGCCTGGTATCGCTGYAAGTAAACTGTAGCCATCTCGCACA']
1623	NM_000088.3(COL1A1):c.4391T>C (p.Leu1464Pro)	1277	COL1A1	['TTCGACGTTGGCCCTGTCTGCTTCCYGTAAACTCCCTCCATCCCAACCTGG']
1624	NM_000493.3(COL10A1):c.1841T>C (p.Leu614Pro)	-1	-	['AAAGGGACTCATGTTTGGGTAGGCCYGTATAAGAATGGCACCCCTGTAATG']
1625	NM_000493.3(COL10A1):c.1771T>C (p.Cys591Arg)	-1	-	['TGACCCAAGGACTGGAATCTTTACTYGTCAGATACCAGGAATATACTATTT']
1626	NM_000493.3(COL10A1):c.1951T>C (p.Trp651Arg)	-1	-	['CGATCTCACAGAAAATGACCAGGTGYGGCTCCAGCTTCCCAATGCCGAGTC']
1627	NM_000493.3(COL10A1):c.2011T>C (p.Ser671Pro)	-1	-	['ATACTCCTCTGAGTATGTCCACTCCYCTTTCTCAGGATTCCTAGTGGCTCC']
1628	NM_000493.3(COL10A1):c.1798T>C (p.Ser600Pro)	-1	-	['TCAGATACCAGGAATATACTATTTTYCATACCACGTGCATGTGAAAGGGAC']
1629	NM_020549.4(CHAT):c.629T>C (p.Leu210Pro)	1103	CHAT	['ATGTATCTCAACAACCGCCTGGCCCYGCCTGTCAACTCCAGCCCTGCCGTG']
1630	NM_020549.4(CHAT):c.914T>C (p.Ile305Thr)	1103	CHAT	['ATCATGCCGGAGCCTGAGCACGTCABCGTAGCCTGCTGCAATCAGGTAAGC']
1631	NM_020549.4(CHAT):c.1007T>C (p.Ile336Thr)	1103	CHAT	['GATCTGTTCACTCAGTTGAGAAAGAYAGTCAAAATGGCTTCCAACGAGGAC']
1632	NM_001822.5(CHN1):c.427T>C (p.Tyr143His)	1123	CHN1	['TGCCAAGATGACGATAAACCCAATTYATGAGCACGTAGGATACACAACCTT']
1633	NM_001904.3(CTNNB1):c.133T	1499	CTNNB1	['TTCTGGTGCCACTACCACAGCTCCTBCTCTG

【表６－４５】

	>C (p.Ser45Pro)			AGTGGTAAAGGCAATCCTGA']
1634	NM_004056.4(CA8):c.298T>C (p.Ser100Pro)	767	CA8	['ACATATATTTTCTTTTTCAGTTCTTYCGGGAG GACCATTGCCTCAAGGGCA']
1635	NM_016124.4(RHD):c.329T>C (p.Leu110Pro)	6007	RHD	['CCTTCTGGGAAGGTGGTCATCACACYGTTCA GGTATTGGGATGGTGGCTGG']
1636	NM_015865.6(SLC14A1):c.871 T>C (p.Ser291Pro)	6563	SLC14A1	['CTTTGGACTCTGGGGTTTCAACAGCYCTCTG GCCTGCATTGCAATGGGAGG']
1637	NM_001250.5(CD40):c.247T>C (p.Cys83Arg)	958	CD40	['GACACACTGCCACCAGCACAAATACYGCGA CCCCAGTGCGTGCGCTGTTGG']
1638	NM_000342.3(SLC4A1):c.2317 T>C (p.Ser773Pro)	6521	SLC4A1	['AGTGTGCGGCTCCCCCACAGGCCTGYCCATC CTCATGGAGCCCATCCTGTC']
1639	NM_001681.3(ATP2A2):c.1678 T>C (p.Cys560Arg)	488	ATP2A2	['GGGTAGTGGCAGCGACACACTGCGAYGCCT GGCCCTGGCCACTCATGACAA']
1640	NM_001082971.1(DDC):c.925T >C (p.Phe309Leu)	1644	DDC	['TCCCCACAAATGGCTATTGGTGAATYTTGAC TGTTCTGCCATGTGGTAAGT']
1641	NM_031226.2(CYP19A1):c.743 +2T>C	-1	-	['ATACAAAAAGTATGAGAAGTCTGTGYAAGT AATACAACTTTGGAAGATTTA']
1642	NM_000486.5(AQP2):c.646T>C (p.Ser216Pro)	-1	-	['ACCCCTGGTGGGCGCCATCCTGGGCYCCCTC CTCTACAACTACGTGCTGTT']
1643	NM_000041.3(APOE):c.388T>C (p.Cys130Arg)	348	APOE	['GCTGGGCGCGGACATGGAGGACGTGYGCGG CCGCCTGGTGCAGTACCGCGG']
1644	NM_000041.3(APOE):c.137T>C (p.Leu46Pro)	348	APOE	['TGGCAGAGCGGCCAGCGCTGGGAACYGGCA CTGGGTCGCTTTTGGGATTAC']
1645	NM_000039.1(APOA1):c.220T> C (p.Trp74Arg)	-1	-	['CTCCAGCCTAAAGCTCCTTGACAACYGGGA CAGCGTGACCTCCACCTTCAG']
1646	NM_000039.1(APOA1):c.341T> C (p.Leu114Pro)	-1	-	['CTGAGGCAGGAGATGAGCAAGGATCYGGAG GAGGTGAAGGCCAAGGTGCAG']
1647	NM_000039.1(APOA1):c.593T> C (p.Leu198Ser)	335	APOA1	['TACAGCGACGAGCTGCGCCAGCGCTYGGCC GCGCGCCTTGAGGCTCTCAAG']
1648	NM_000416.2(IFNGR1):c.260T >C (p.Ile87Thr)	3459	IFNGR1	['AATATTTCTCATCATTATTGTAATAYTTCTG ATCATGTTGGTGATCCATCA']
1649	NM_000488.3(SERPINC1):c.114 1T>C (p.Ser381Pro)	462	SERPINC1	['TGTCGATCTGTTCAGCCCTGAAAAGYCCAAA CTCCCAGGTTTGTCTAGGAA']
1650	NM_000488.3(SERPINC1):c.442 T>C (p.Ser148Pro)	462	SERPINC1	['GTTTGACACCATATCTGAGAAAACAYCTGAT CAGATCCACTTCTTCTTTGC']
1651	NM_000488.3(SERPINC1):c.68 T>C (p.Leu23Pro)	462	SERPINC1	['AAGGTTTATCTTTTGTCCTTGCTGCYCATTG GCTTCTGGGACTGCGTGACC']
1652	NM_000488.3(SERPINC1):c.667 T>C (p.Ser223Pro)	462	SERPINC1	['CAGAGCGGCCATCAACAAATGGGTGYCCAA TAAGACCGAAGGCCGAATCAC']
1653	NM_000488.3(SERPINC1):c.379 T>C (p.Cys127Arg)	462	SERPINC1	['TTTTGCTATGACCAAGCTGGGTGCCYGTAAT GACACCCTCCAGCAACTGAT']
1654	NM_001085.4(SERPINA3):c.23 3T>C (p.Leu78Pro)	12	SERPINA3	['GATAAGAATGTCATCTTCTCCCCACYGAGCA TCTCCACCGCCTTGGCCTTC']
1655	NM_000341.3(SLC3A1):c.1400	6519	SLC3A1	['AATCAGTATGTCAACGTGATGAACAHGCTTC

【表６－４６】

	T>C (p.Met467Thr)			TTTTCACACTCCCTGGAACT']
1656	NM_000341.3(SLC3A1):c.2033 T>C (p.Leu678Pro)	-1	-	['AATCGAGCATGCTATTCCAGTGTACYGAAC ATACTGTATACCTCGTGTTAG']
1657	NM_000021.3(PSEN1):c.749T> C (p.Leu250Ser)	5663	PSEN1	['CCTGAATGGACTGCGTGGCTCATCTYGGCTG TGATTTCAGTATATGGTAAA']
1658	NM_000021.3(PSEN1):c.338T> C (p.Leu113Pro)	5663	PSEN1	['TTTTATACCCGGAAGGATGGGCAGCYGTAC GTATGAGTTTTGTTTTATTAT']
1659	NM_000021.3(PSEN1):c.497T> C (p.Leu166Pro)	5663	PSEN1	['CTTTTCTAGGTCATCCATGCCTGGCBTATTAT ATCATCTCTATTGTTGCTG']
1660	NM_000021.3(PSEN1):c.254T> C (p.Leu85Pro)	5663	PSEN1	['TATGGCGCCAAGCATGTGATCATGCYCTTTG TCCCTGTGACTCTCTGCATG']
1661	NM_001151.3(SLC25A4):c.293 T>C (p.Leu98Pro)	291	SLC25A4	['GCCTTCAAGGACAAGTACAAGCAGCYCTTC TTAGGGGGTGTGGATCGGCAT']
1662	NM_001100.3(ACTA1):c.287T> C (p.Leu96Pro)	58	ACTA1	['TGGCACCACACCTTCTACAACGAGCYTCGCG TGGCTCCCGAGGAGCACCCC']
1663	NM_001100.3(ACTA1):c.668T> C (p.Leu223Pro)	58	ACTA1	['AAGGAGAAGCTGTGCTACGTGGCCCYGGAC TTCGAGAACGAGATGGCGACG']
1664	NM_000485.2(APRT):c.407T>C (p.Met136Thr)	353	APRT	['CTCACCCTCCCATCCCCAGGAACCAYGAAC GCTGCCTGTGAGCTGCTGGGC']
1665	NM_000485.2(APRT):c.329T>C (p.Leu110Pro)	353	APRT	['CACCACTTCCCACTCCAGGCTGAGCYGGAG ATTCAGAAAGACGCCCTGGAG']
1666	NM_001614.3(ACTG1):c.1109T >C (p.Val370Ala)	71	ACTG1	['TACGACGAGTCGGGCCCCTCCATCGYCCACC GCAAATGCTTCTAAACGGAC']
1667	NM_000751.2(CHRND):c.283T >C (p.Phe95Leu)	1144	CHRND	['CCGGCTGAAGTGGAATGCTGAAGAAYTTGG AAACATCAGTGTCCTGCGCCT']
1668	NM_000751.2(CHRND):c.188T >C (p.Leu63Pro)	1144	CHRND	['GCCCTGGCCCTCACACTCTCCAACCYCATCT CCCTGGTGAGAGGCCCTCCG']
1669	NM_001039523.2(CHRNA1):c.9 01T>C (p.Phe301Leu)	1134	CHRNA1	['CTCTGTCTTACTGTCTTTGACTGTGYTCCTTC TGGTCATCGTGGAGCTGAT']
1670	NM_001004127.2(ALG11):c.257 T>C (p.Leu86Ser)	440138	ALG11	['GGAGAAAGAGTTTTATGGTGTGCTTYAAGA GCCCTGCAGAAAAAGTAGGTA']
1671 - 1674	NM_002036.3(ACKR1):c.-67T>C	2532	ACKR1	['AGAGGGAGCTAGGAGGCTAGCATAGRAAGG AGARAAGGAAAAAGACTTTGA', 'TATAAAGACTGAGGGGCAAACAGCASGGGA AATGAGGGGCATAGGGATAAG', 'CGCAGACAGAAGGGCTGGGACGGCTRTCAG CGCCTGTGCTTCCAAGRTAAG', 'ATCAGGAAGCCTTACCCCACGCCCAYTGCCT GCACAAGCCTCAGGCCTATG']
1675	NM_014053.3(FLVCR1):c.574T >C (p.Cys192Arg)	28982	FLVCR1	['CAACTGCCTGGGTGCCTGGATCAAGYGCGG CAGTGTGCAGCAGCATCTCTT']
1676	NM_004268.4(MED17):c.1112T >C (p.Leu371Pro)	9440	MED17	['TGTCCGGAGGACCACCTTTATGTCCYAGAGC ATAATTTGCATCTACTGATT']
1677	NM_024411.4(PDYN):c.632T>C	5173	PDYN	['CTGTACAAACGCTATGGGGGCTTCTYGCGGC

【表６－４７】

	(p.Leu211Ser)			GCATTCGTCCCAAGCTCAAG']
1678	NM_000018.3(ACADVL):c.848T>C (p.Val283Ala)	37	ACADVL	['GTGAAGGAGAAGATCACAGCTTTTGYGGTGGAGAGGGGCTTCGGGGGCATT']
1679	NM_000021.3(PSEN1):c.1175T>C (p.Leu392Pro)	5663	PSEN1	['GGAGATTTCATTTTCTACAGTGTTCYGGTTGGTAAAGCCTCAGCAACAGCC']
1680	NM_000083.2(CLCN1):c.857T>C (p.Val286Ala)	1180	CLCN1	['CCACACTTCTGTGCCCCTGCAGGAGYGCTATTTAGCATCGAGGTCACCTCC']
1681	NM_000083.2(CLCN1):c.920T>C (p.Phe307Ser)	1180	CLCN1	['GTTCGGAACTACTGGAGAGGATTCTYTGCAGCCACGTTCAGCGCCTTTGTG']
1682	NM_000157.3(GBA):c.703T>C (p.Ser235Pro)	2629	GBA	['CAATGGAGCGGTGAATGGGAAGGGGYCACTCAAGGGACAGCCCGGAGACAT']
1683	NM_000166.5(GJB1):c.145T>C (p.Ser49Pro)	2705	GJB1	['AGAGAGTGTGTGGGGTGATGAGAAAYCTTCCTTCATCTGCAACACACTCCA']
1684-1686	NM_000186.3(CFH):c.3590T>C (p.Val1197Ala)	3075	CFH	['ATATCCCCGTTTACACACAAATTCARCTGATTCACCTGTTCTCGAATAAAG', 'GAACTTATCATTGCTGCTTTTGATTaagatattggtcaaagagtacaaact', 'ttcagctataatatgaataagaacttggaatcaaacatagagatctagtga']
1687	NM_000195.4(HPS1):c.2003T>C (p.Leu668Pro)	3257	HPS1	['GGGGATGACAGACAGGTGCAGGGCCRGCAGCTCGTAGCACCTGACAGCCTC']
1688	NM_000195.4(HPS1):c.716T>C (p.Leu239Pro)	3257	HPS1	['GCTGGGGTAGAGGTCCTGAACCAGGRGGATGAGGGCAAGCAGGTCGGCCGG']
1689	NM_000334.4(SCN4A):c.4468T>C (p.Phe1490Leu)	6329	SCN4A	['CCTCTTCAACATCGGCCTCCTCCTCYTCCTGGTCATGTTCATCTACTCCAT']
1690	NM_000352.4(ABCC8):c.257T>C (p.Val86Ala)	6833	ABCC8	['ACCTTCATGCTGCTCTTCGTCCTGGBGTGTGAGATTGCAGAGGGCATCCTG']
1691	NM_000352.4(ABCC8):c.404T>C (p.Leu135Pro)	6833	ABCC8	['ATCGAGACTTCCAACTTCCCCAAGCYGCTAATTGGTAGGTGAGGTGTAGGA']
1692	NM_000352.4(ABCC8):c.674T>C (p.Leu225Pro)	6833	ABCC8	['TTCCTGCAGCCCTTCGTGAATCTGCYGTCCAAAGGCACCTACTGGTGGATG']
1693	NM_000430.3(PAFAH1B1):c.569-10T>C	5048	PAFAH1B1	['ATTACTTCATAATATATTGCTGTTAYGTGTTTTAGGCCATGACCACAATGT']
1694	NM_000525.3(KCNJ11):c.103T>C (p.Phe35Leu)	3767	KCNJ11	['CCGTGCCCGCCAGCGGAGGGCCCGCBTTGTGTCCAAGAAAGGCAACTGCAA']
1695	NM_000525.3(KCNJ11):c.755T>C (p.Val252Ala)	3767	KCNJ11	['GTGGGTGGCAACAGCATCTTCCTGGYGGCCCCGCTGATCATCTACCATGTC']
1696	NM_000528.3(MAN2B1):c.2426T>C (p.Leu809Pro)	4125	MAN2B1	['GGCAGCAGCCTGAGAGATGGCTCGCYGGAGCTCATGGTGAGTGGGTCAGAG']
1697	NM_001034850.2(FAM134B):c.873+2T>C	54463	FAM134B	['GACTTTTCAGCTCTTTGTCCTAAGGYATTTTTTGTTTAGTTTTCAATTTGT']
1698	NM_001457.3(FLNB):c.4804T>C (p.Ser1602Pro)	2317	FLNB	['CTACGGGGGTGACGACATCCCACTTYCTCCTTATCGCATCCGAGCCACACA']
1699	NM_002863.4(PYGL):c.2461T>C (p.Tyr821His)	5836	PYGL	['CTCCAGTGACCGAACAATTAAAGAAYATGCCCAAAACATCTGGAACGTGGA']

【表６－４８】

1700	NM_003002.3(SDHD):c.284T>C (p.Leu95Pro)	6392	SDHD	['CCTTGCTCTGCGATGGACTATTCCCYGGCTG CAGCCCTCACTCTTCATGGT']
1701	NM_004385.4(VCAN):c.4004-5T>C	1462	VCAN	['TAAGTATTGTGAAAACTCTGTTTTTHTCAGG TCGAATGAGTGATTTGAGTG']
1702	NM_004519.3(KCNQ3):c.925T>C (p.Trp309Arg)	3786	KCNQ3	['TGAGACCTATGCAGATGCCCTGTGGYGGGG CCTGGTGAGTCACTACCTTGG']
1703	NM_004937.2(CTNS):c.473T>C (p.Leu158Pro)	1497	CTNS	['TCCACCCCCTGCAGTGTCATTGGTCYGAGCT TCGACTTCGTGGCTCTGAAC']
1704	NM_006329.3(FBLN5):c.649T>C (p.Cys217Arg)	10516	FBLN5	['GAACGAGTGTGCCACCGAGAACCCCYGCGT GCAAACCTGCGTCAACACCTA']
1705	NM_006432.3(NPC2):c.295T>C (p.Cys99Arg)	10577	NPC2	['TGATGGTTGTAAGAGTGGAATTAACYGCCCT ATCCAAAAAGACAAGACCTA']
1706	NM_007375.3(TARDBP):c.*83T>C	23435	TARDBP	['CATGGTAAGTATATTGTAAAATACAYATGTA CTAAGAATTTTCAAAATTGG']
1707	NM_013246.2(CLCF1):c.46T>C (p.Cys16Arg)	-1	-	['CTCGTGGGGGATGTTAGCGTGCCTGYGCAC GGTGCTCTGGCACCTCCCTGC']
1708	NM_013246.2(CLCF1):c.676T>C (p.Ter226Arg)	-1	-	['CCTGCACCTGGGGGCTCATGGCTTCYGACTT CTGACCTTCTCCTCTTCGCT']
1709	NM_024577.3(SH3TC2):c.1982T>C (p.Leu661Pro)	79628	SH3TC2	['CTGCCCTTTGCCGAGCGCCTGCAGCYCCTCT CTGGACACCCTCCTGCCTCT']
1710	NM_172107.2(KCNQ2):c.2T>C (p.Met1Thr)	3785	KCNQ2	['CCGGGGCGCCTCCCGCCAGGCACCAYGGTG CAGAAGTCGCGCAACGGCGGC']
1711	NM_004304.4(ALK):c.3749T>C (p.Ile1250Thr)	238	ALK	['TGCATTTCCTTTCTTCCCAGAGACAYTGCTG CCAGAAACTGCCTCTTGACC']
1712	NM_000495.4(COL4A5):c.4690T>C (p.Cys1564Arg)	1287	COL4A5	['TTCCTTCTCCTTTTCCTTTACCAGAYGTGCAG TATGTGAAGCTCCAGCTGT']
1713	NM_000495.4(COL4A5):c.4699T>C (p.Cys1567Arg)	1287	COL4A5	['CTTTTCCTTTACCAGATGTGCAGTAYGTGAA GCTCCAGCTGTGGTGATCGC']
1714	NM_000495.4(COL4A5):c.4756T>C (p.Cys1586Arg)	1287	COL4A5	['CAGTCAGACGATCCAGATTCCCCATYGTCCT CAGGGATGGGATTCTCTGTG']
1715	NM_000495.4(COL4A5):c.4803+121T>C	1287	COL4A5	['TAAGAAGCTTAAACTTCAAACAGCTYCTATC CAAGCACTGTGTTCCCCCTC']
1716	NM_000495.4(COL4A5):c.5032T>C (p.Cys1678Arg)	1287	COL4A5	['AGACTTGAGGACACGAATTAGCCGAYGTCA AGTGTGCATGAAGAGGACATA']
1717	NM_005359.5(SMAD4):c.970T>C (p.Cys324Arg)	4089	SMAD4	['ATTTCCTATAGCTCCTGAGTATTGGYGTTCC ATTGCTTACTTTGAAATGGA']
1718	NM_005359.5(SMAD4):c.1087T>C (p.Cys363Arg)	4089	SMAD4	['GGACCCTTCTGGAGGAGATCGCTTTYGTTTG GGTCAACTCTCCAATGTCCA']
1719	NM_005359.5(SMAD4):c.1598T>C (p.Leu533Pro)	4089	SMAD4	['ATTGAAATTCACTTACACCGGGCCCBCCAGC TCCTAGACGAAGTACTTCAT']
1720	NM_020630.4(RET):c.1831T>C (p.Cys611Arg)	5979	RET	['TAAAGCTGGCTATGGCACCTGCAACNGCTTC CCTGAGGAGGAGAAGTGCTT']
1721	NM_020630.4(RET):c.1888T>C (p.Cys630Arg)	5979	RET	['ACCACCCCCACCCACAGATCCACTGYGCGA CGAGCTGTGCCGCACGGTGAT']

【表６－４９】

1722	NM_000060.3(BTD):c.248T>C (p.Leu83Ser)	686	BTD	['GCTCTCATCAGCCGCCAAGAGGCCTYGGAG CTCATGAACCAGAACCTTGAC']
1723	NM_000060.3(BTD):c.445T>C (p.Phe149Leu)	686	BTD	['GAACCCATGCCTGGAGCCTCACCGCYTCAAT GACACAGAGGTGATTCCTGC']
1724	NM_000060.3(BTD):c.743T>C (p.Ile248Thr)	686	BTD	['TTTGGCATCTTCACATGCTTTGATAYATTGTT CTTTGACCCTGCCATCAGA']
1725	NM_000060.3(BTD):c.764T>C (p.Ile255Thr)	686	BTD	['GATATATTGTTCTTTGACCCTGCCAYCAGAG TCCTCAGAGACTACAAGGTG']
1726	NM_000060.3(BTD):c.833T>C (p.Leu278Pro)	686	BTD	['ACTGCCTGGATGAACCAGCTCCCACYCTTGG CAGCAATTGAGATTCAGAAA']
1727	NM_000060.3(BTD):c.1096T>C (p.Ser366Pro)	686	BTD	['CCATAGTAAGTTTTTAAAAATTTTGYCAGGC GATCCGTACTGTGAGAAGGA']
1728	NM_000060.3(BTD):c.1214T>C (p.Leu405Pro)	686	BTD	['GAGATGATGTATGACAATTTCACCCYGGTCC CTGTCTGGGGAAAGGAAGGC']
1729	NM_000060.3(BTD):c.1252T>C (p.Cys418Arg)	686	BTD	['GGGAAAGGAAGGCTATCTCCACGTCYGTTC CAATGGCCTCTGCTGTTATTT']
1730	NM_000060.3(BTD):c.1267T>C (p.Cys423Arg)	686	BTD	['TCTCCACGTCTGTTCCAATGGCCTCYGCTGT TATTTACTTTACGAGAGGCC']
1731	NM_000060.3(BTD):c.1459T>C (p.Trp487Arg)	686	BTD	['CACGGGGATATTTGAGTTTCACCTGYGGGGC AACTTCAGTACTTCCTATAT']
1732	NM_000155.3(GALT):c.265T>C (p.Tyr89His)	2592	GALT	['TCCTTGTCGGTAGGTGAATCCCCAGBACGAT AGCACCTTCCTGTTTGACAA']
1733	NM_000155.3(GALT):c.328+2T >C	2592	GALT	['TGCAGCCTGATGCCCCCAGTCCAGGYAACCT GGCTCCAACTGCTGCTGGGG']
1734	NM_000155.3(GALT):c.336T>C (p.Ser112=)	2592	GALT	['GATACTCCTTTACCTCAGGACCCAGYGATCA TCCCCTTTTCCAAGCAAAGT']
1735	NM_000155.3(GALT):c.350T>C (p.Phe117Ser)	2592	GALT	['TCAGGACCCAGTGATCATCCCCTTTYCCAAG CAAAGTCTGCTCGAGGAGTC']
1736	NM_000155.3(GALT):c.374T>C (p.Val125Ala)	2592	GALT	['TTCCAAGCAAAGTCTGCTCGAGGAGYCTGG TAACTATGGATTTCCCCTCTT']
1737	NM_000155.3(GALT):c.425T>C (p.Met142Thr)	2592	GALT	['TGGTCGGATGTAACGCTGCCACTCAHGTCGG TCCCTGAGATCCGGGCTGTT']
1738	NM_000155.3(GALT):c.452T>C (p.Val151Ala)	2592	GALT	['TCGGTCCCTGAGATCCGGGCTGTTGYTGATG CATGGGCCTCAGTCACAGAG']
1739	NM_000155.3(GALT):c.460T>C (p.Trp154Arg)	2592	GALT	['TGAGATCCGGGCTGTTGTTGATGCABGGGCC TCAGTCACAGAGGAGCTGGG']
1740	NM_000155.3(GALT):c.482T>C (p.Leu161Pro)	2592	GALT	['GCATGGGCCTCAGTCACAGAGGAGCYGGGT GCCCAGTACCCTTGGGTGCAG']
1741	NM_000155.3(GALT):c.499T>C (p.Trp167Arg)	2592	GALT	['AGAGGAGCTGGGTGCCCAGTACCCTYGGGT GCAGGTTTGTGAGGTCGCCCC']
1742	NM_000155.3(GALT):c.507+2T >C	2592	GALT	['GGTGCCCAGTACCCTTGGGTGCAGGYTTGTG AGGTCGCCCCTTCCCCTGGA']
1743	NM_000155.3(GALT):c.509T>C (p.Ile170Thr)	2592	GALT	['GAGCTCCGTATCCCTATCTGATAGAHCTTTG AAAACAAAGGTGCCATGATG']

【表６－５０】

1744	NM_000155.3(GALT):c.584T>C (p.Leu195Pro)	2592	GALT	['TGACAGGTATGGGCCAGCAGTTTCCYGCCA GATATTGCCCAGCGTGAGGAG']
1745	NM_000155.3(GALT):c.650T>C (p.Leu217Pro)	2592	GALT	['TATAAGAGTCAGCATGGAGAGCCCCYGCTA ATGGAGTACAGCCGCCAGGAG']
1746	NM_000155.3(GALT):c.677T>C (p.Leu226Pro)	2592	GALT	['CTAATGGAGTACAGCCGCCAGGAGCYACTC AGGAAGGTGGGAGAGAGCCAA']
1747	NM_000155.3(GALT):c.687+2T >C	2592	GALT	['AGCCGCCAGGAGCTACTCAGGAAGGYGGGA GAGAGCCAAGCCCTGTGTCCC']
1748	NM_000155.3(GALT):c.745T>C (p.Trp249Arg)	2592	GALT	['AGTACTGGTCCCCTTCTGGGCAACAYGGCCC TACCAGACACTGCTGCTGCC']
1749	NM_000155.3(GALT):c.967T>C (p.Tyr323His)	2592	GALT	['CCATTGGCAGCTGCACGCTCATTACBACCCT CCGCTCCTGCGCTCTGCCAC']
1750	NM_000155.3(GALT):c.980T>C (p.Leu327Pro)	2592	GALT	['CACGCTCATTACTACCCTCCGCTCCYGCGCT CTGCCACTGTCCGGAAATTC']
1751	NM_000155.3(GALT):c.1138T> C (p.Ter380Arg)	2592	GALT	['GGACAGGGAGACAGCAACCATCGCCYGACC ACGCCGACCACAGGGCCTTGA']
1752	NM_207346.2(TSEN54):c.277T >C (p.Ser93Pro)	283989	TSEN54	['AGAAGAGGGCTTCGTGGAGTTGAAGYCTCC CGCGGTGAGCGGCGGGCTCGG']
1753	NM_016269.4(LEF1):c.181T>C (p.Ser61Pro)	-1	-	['CATCAAGTCTTCCTTGGTGAACGAGYCTGAA ATCATCCCGGCCAGCAACGG']
1754	NM_001928.2(CFD):c.640T>C (p.Cys214Arg)	1675	CFD	['GGGTGACTCCGGGGGCCCGCTGGTGYGCGG GGGCGTGCTCGAGGGCGTGGT']
1755	NM_001458.4(FLNC):c.752T>C (p.Met251Thr)	2318	FLNC	['CCCAACGTGGATGAGCATTCTGTTAYGACCT ACCTGTCCCAGTTCCCCAAG']
1756	NM_000781.2(CYP11A1):c.665 T>C (p.Leu222Pro)	1583	CYP11A1	['ATTTTTGGGGAGCGCCAGGGGATGCYGGAG GAAGTAGTGAACCCCGAGGCC']
1757 - 1761	NM_000782.4(CYP24A1):c.122 6T>C (p.Leu409Ser)	1591	CYP24A1	['ATAATAATGATGGTTGccaacatgcgctgagtgcttaaaa tgtgccaggta', 'ataaataggtaaagggctttagaattgtgcaccatactcacaaccaccctg' , 'cgcagcagattctgttattaaaccccttttacagacgaagttgaggctcac', 'agagattatgtaactcactcaagacaacacagataaaagatgaaactgaat ', 'ACAAATTCTACTTACTCCTTTGGGTRAAGCAT ATTCACCCAGAACTGTTGC']
1762	NM_001145661.1(GATA2):c.11 17T>C (p.Cys373Arg)	2624	GATA2	['CAACGGGGACCCTGTCTGCAACGCCYGTGG CCTCTACTACAAGCTGCACAA']
1763	NM_004523.3(KIF11):c.2547+2 T>C	3832	KIF11	['CAGGAACTTCACAACTTATTGGAGGYAATA ACTTTGTAAGTGGAACTTACT']
1764	NM_000238.3(KCNH2):c.1831T >C (p.Tyr611His)	3757	KCNH2	['GGGCGGCCCCTCCATCAAGGACAAGBATGT GACGGCGCTCTACTTCACCTT']
1765	NM_002465.3(MYBPC1):c.706T >C (p.Trp236Arg)	4604	MYBPC1	['GGAGGAAGAACCCCAGGTGGACGTAYGGGA GTTGCTGAAGAACGCGAAACC']
1766	NM_002465.3(MYBPC1):c.2566	4604	MYBPC1	['CATTCCAAGACACCTGAAGCAAACCYATAT

【表６－５１】

	T>C (p.Tyr856His)			CCGCAGAGTTGGAGAAGCTGT']
1767	NM_005211.3(CSF1R):c.2624T>C (p.Met875Thr)	1436	CSF1R	['AAACTGGTGAAGGATGGATACCAAAYGGCCCAGCCTGCATTTGCCCCAAAG']
1768	NM_005211.3(CSF1R):c.2381T>C (p.Ile794Thr)	1436	CSF1R	['TTGACCAATGGTCATGTGGCCAAGAYTGGGGACTTCGGGCTGGCTAGGGAC']
1769	NM_003392.4(WNT5A):c.544T>C (p.Cys182Arg)	7474	WNT5A	['GCCGCGGGACTGGCTCTGGGGCGGCYGCGGCGACAACATCGACTATGGCTA']
1770	NM_005188.3(CBL):c.1150T>C (p.Cys384Arg)	867	CBL	['CTCCACATTCCAACTATGTAAAATABGTGCTGAAAATGATAAGGATGTAAA']
1771	NM_005188.3(CBL):c.1186T>C (p.Cys396Arg)	867	CBL	['TGATAAGGATGTAAAGATTGAGCCCYGTGGACACCTCATGTGCACATCCTG']
1772	NM_006902.4(PRRX1):c.338T>C (p.Phe113Ser)	5396	PRRX1	['CAGCTGCAGGCTTTGGAGCGTGTCTYTGAGCGGACACACTATCCTGATGCT']
1773	NM_001111035.1(ACP5):c.602T>C (p.Leu201Pro)	-1	-	['GCGGCGGCCAGGGAGGACTACGTGCYGGTGGCTGGCCACTACCCCGTGTGG']
1774	NM_000329.2(RPE65):c.1102T>C (p.Tyr368His)	6121	RPE65	['GGCTCCCCAACCTGAAGTTAGGAGAYATGTACTTCCTTTGAATATTGACAA']
1775	NM_003172.3(SURF1):c.679T>C (p.Trp227Arg)	6834	SURF1	['TGAGAACAATCCAGAAAGGAACCACYGGCATTATCGAGACCTGGAAGCTAT']
1776	NM_002734.4(PRKAR1A):c.1117T>C (p.Tyr373His)	5573	PRKAR1A	['CATCCTCAAACGAAACATCCAGCAGYACAACAGTTTTGTGTCACTGTCTGT']
1777	NM_002734.4(PRKAR1A):c.980T>C (p.Ile327Thr)	5573	PRKAR1A	['CCATCTTTGCTTTCTCCAGGTGAAAYTGCACTACTGATGAATCGTCCTCGT']
1778	NM_003491.3(NAA10):c.109T>C (p.Ser37Pro)	8260	NAA10	['GAAATACTACTTCTACCATGGCCTTYCCTGGCCCCAGGTGGGCAGCTTCTG']
1779	NM_006306.3(SMC1A):c.2351T>C (p.Ile784Thr)	8243	SMC1A	['GTGTTTGAAGAGTTTTGTCGGGAGAYTGGTGTGCGCAACATCCGGGAGTTT']
1780	NM_000377.2(WAS):c.814T>C (p.Ser272Pro)	7454	WAS	['CGACCCAGATCTGCGGAGTCTGTTCYCCAGGGCAGGAATCAGCGAGGCCCA']
1781	NM_000377.2(WAS):c.881T>C (p.Ile294Thr)	7454	WAS	['ACCTCTAAACTTATCTACGACTTCAYTGAGGACCAGGGTGGGCTGGAGGCT']
1782	m.12338T>C	4540	MT-ND5	['TTGGTGCAACTCCAAATAAAAGTAAYAACCATGCACACTACTATAACCACC']
1783	m.5814T>C	4511	MT-TC	['TCGAATTTGCAATTCAATATGAAAAYCACCTCGGAGCTGGTAAAAAGAGGC']
1784	m.12201T>C	4564	MT-TH	['GACAACAGAGGCTTACGACCCCTTAYTTACCGAGAAAGCTCACAAGAACTG']
1785	NM_001165899.1(PDE4D):c.494T>C (p.Phe165Ser)	5144	PDE4D	['GGAGATGACTTGATTGTGACTCCATBTGCTCAGGTAAGCACAGCTTGGTGA']
1786	NM_139125.3(MASP1):c.1888T>C (p.Cys630Arg)	5648	MASP1	['GTTACCCGTGGTGCCTCACGCTGAGYGCAAAACTAGCTATGAGTCCCGCTC']
1787	NM_007315.3(STAT1):c.520T>C (p.Cys174Arg)	6772	STAT1	['TTTACAAGATGAATATGACTTCAAAYGCAAAACCTTGCAGAACAGAGGTAA']
1788	NM_053025.3(MYLK):c.5275T>	-1	-	['TGCTGTGAGAGCCATTGGAAGACTGYCCTCT

【表６－５２】

	C (p.Ser1759Pro)			ATGGCAATGATCTCAGGGCT']
1789	NM_001235.3(SERPINH1):c.233T>C (p.Leu78Pro)	871	SERPINH1	['TCACCCGTGGTGGTGGCCTCGTCGCYAGGGCTCGTGTCGCTGGGCGGCAAG']
1790	NM_005921.1(MAP3K1):c.566T>C (p.Leu189Pro)	4214	MAP3K1	['GAGGAACGAATGATCAGGGAGAAACBGAAGGCAACCTGTATGCCAGCCTGG']
1791	NM_005359.5(SMAD4):c.1499T>C (p.Ile500Thr)	4089	SMAD4	['GTTGATGACCTTCGTCGCTTATGCAYACTCAGGATGAGTTTTGTGAAAGGC']
1792	NM_000287.3(PEX6):c.1601T>C (p.Leu534Pro)	5190	PEX6	['CTGTTGCTCACAGCTGTGGACCTTCYGGGCCGGGACCGTGATGGGCTGGGT']
1793	NM_004153.3(ORC1):c.266T>C (p.Phe89Ser)	4998	ORC1	['AAGAAACGTGCTCGAGTACAGTGGTYTGTCCGATTCTGTGAAGTCCCTGCC']
1794	NM_006225.3(PLCD1):c.562T>C (p.Cys188Arg)	5333	PLCD1	['CTCGGCTGTCCTGGCTCTGCAGGAGYGTGACCACTCCCAGACAGACTCCCT']
1795	NM_021252.4(RAB18):c.619T>C (p.Ter207Gln)	22931	RAB18	['CTGTGGTGGTTATTGCTCTGTGTTAYAAACTCTGGGAAATTCCATCTCTTG']
1796	NM_002242.4(KCNJ13):c.722T>C (p.Leu241Pro)	-1	-	['TGGTGTAATGGAGTGATAGTACGTTDGTGGAAAGATGAAGAATGGACATTC']
1797	NM_003072.3(SMARCA4):c.3032T>C (p.Met1011Thr)	6597	SMARCA4	['CTGCAGCGAGTGCTCTACCGCCACAYGCAGGCCAAGGGCGTGCTGCTGACT']
1798	NM_013339.3(ALG6):c.391T>C (p.Tyr131His)	29929	ALG6	['GAGATTTCTTTTAAGCAACAACAGTRCAAAACCACTGCAGGTATGTAAATC']
1799	NM_019885.3(CYP26B1):c.436T>C (p.Ser146Pro)	56603	CYP26B1	['TTGCCTCTCTGCCTTCCAGGTCTTCYCCAAGATCTTCAGCCACGAGGCCCT']
1800	NM_020433.4(JPH2):c.421T>C (p.Tyr141His)	57158	JPH2	['GTTCACCAACGGCATGCGCCATGGCYACGGAGTACGCCAGAGCGTGCCCTA']
1801	NM_000199.3(SGSH):c.892T>C (p.Ser298Pro)	6448	SGSH	['CCCCAGCGTTTTGGGTGCTCCGGGGRTGACACCAGTAAGGGTTCAGCAGTG']
1802	NM_173170.1(IL36RN):c.80T>C (p.Leu27Pro)	26525	IL36RN	['CTTTATCTGCATAATAACCAGCTTCYAGCTGGAGGGCTGCATGCAGGGAAG']
1803	NM_016599.4(MYOZ2):c.142T>C (p.Ser48Pro)	51778	MYOZ2	['CAGAGACATCATGTTGGAAGAATTAYCCCATCTCAGTAACCGTGGTGCCAG']
1804	NM_020191.2(MRPS22):c.644T>C (p.Leu215Pro)	56945	MRPS22	['CCAATAATTTTCAAGGAAGAAAATCYTAGGGTAAGGTGACTTAGGTTTTAT']
1805	NM_004278.3(PIGL):c.500T>C (p.Leu167Pro)	9487	PIGL	['TTGTCCTATCCCTCCTCCAGGGCCCYGCACTCAGAAGGGAAGTTACCTAAA']
1806	NM_022445.3(TPK1):c.119T>C (p.Leu40Pro)	27010	TPK1	['ATTTTGTTCTTTCTATTTGAAGCTCYTTTAAGAGCCTGTGCCGATGGAGGT']
1807	NM_020634.1(GDF3):c.914T>C (p.Leu305Pro)	9573	GDF3	['TGTCCCTTCTCACTGACCATCTCTCYCAACAGCTCCAATTATGCTTTCATG']
1808	NM_017882.2(CLN6):c.200T>C (p.Leu67Pro)	54982	CLN6	['CCCATTCTTCCATTTGCTCCGCAGCYGGTATTCCCTCTCGAGTGGTTTCCA']
1809	NM_024513.3(FYCO1):c.4127T>C (p.Leu1376Pro)	79443	FYCO1	['TTTGTGAGGTCCAGCACCTACAGCCYGATCCCCATCACTGTGGCCGAGGCA']
1810	NM_006147.3(IRF6):c.65T>C	3664	IRF6	['CTGGTGGCCCAGGTGGATAGTGGCCYCTAC

【表６－５３】

	(p.Leu22Pro)			CCTGGGCTCATCTGGCTACAC']
1811	NM_025132.3(WDR19):c.2129T>C (p.Leu710Ser)	57728	WDR19	['GGAAATGTTGGCATAGTGATGTCCTYGGAACAAATAAAGGTAAACAGCATG']
1812	NM_025132.3(WDR19):c.20T>C (p.Leu7Pro)	57728	WDR19	['TTTATTTTTTAGCGTATTTTCTCACYGCTAGAAAAGACTTGGCTTGGCGCA']
1813	NM_153026.2(PRICKLE1):c.1414T>C (p.Tyr472His)	144165	PRICKLE1	['AAGTAAAAAATACCAGTCTGATATGYACTGGGCACAGTCACAAGATGGACT']
1814	NM_014874.3(MFN2):c.1392+2T>C	9927	MFN2	['GTAGTCCTCAAGGTTTATAAGAATGWGAGTCATGGAGCAACAGGTCCTCTT']
1815	NM_014874.3(MFN2):c.647T>C (p.Phe216Ser)	9927	MFN2	['GAGCTGGACAGCTGGATTGACAAGTYTTGTCTGGATGCTGATGTGTTTGTG']
1816	NM_016097.4(IER3IP1):c.233T>C (p.Leu78Pro)	51124	IER3IP1	['GTAAACTCAATTGCAATTGTGTTACYTTTATTATTTGGATGAATATCAGTG']
1817	NM_018718.2(CEP41):c.107T>C (p.Met36Thr)	95681	CEP41	['TTCGAGCTTCTCAGTATATTTAGTCRTACTGTTACCTAAAAAGAAAATAAG']
1818	NM_022489.3(INF2):c.310T>C (p.Cys104Arg)	64423	INF2	['CCTGCTGCAGCTCACCTGCGTCAGCYGCGTGCGCGCCGTCATGAACTCGCG']
1819	NM_022489.3(INF2):c.383T>C (p.Leu128Pro)	64423	INF2	['AGCAACCAGGGCTACGTGCGCCAGCYCTCCCAGGGTGAGCCGCAGTGTGGG']
1820	NM_018713.2(SLC30A10):c.266T>C (p.Leu89Pro)	55532	SLC30A10	['GGCGCGCTGAGCAACGCGGTCTTCCYCACCGCGCTCTGCTTCACCATCTTC']
1821	NM_058246.3(DNAJB6):c.277T>C (p.Phe93Leu)	10049	DNAJB6	['CAGTCCATTTGAATTTGGCTTCACAYTCCGTAACCCAGATGATGTCTTCAG']
1822	NM_024753.4(TTC21B):c.2384T>C (p.Leu795Pro)	79809	TTC21B	['CAAAAGAATTATCTTTGCTATGACCYGGCTGAGCTCTTATTAAAATTGAAA']
1823	NM_032446.2(MEGF10):c.2320T>C (p.Cys774Arg)	84466	MEGF10	['TGACTGCGACCACATTTCTGGGCAGYGTACTTGCCGCACTGGATTCATGGG']
1824	NM_032446.2(MEGF10):c.976T>C (p.Cys326Arg)	84466	MEGF10	['CGTTCTCTGTGCTGAGACCTGCCAGYGTGTCAACGGAGGGAAGTGTTACCA']
1825	NM_024027.4(COLEC11):c.505T>C (p.Ser169Pro)	78989	COLEC11	['GAAGCGCTACGCGGACGCCCAGCTGYCCTGCCAGGGCCGCGGGGGCACGCT']
1826	NM_000035.3(ALDOB):c.1027T>C (p.Tyr343His)	229	ALDOB	['GCCCCAGAAGAACCCGTGTGAACATRCTGTCCTTTGGCCGCCTGGCAGTTA']
1827	NM_012338.3(TSPAN12):c.734T>C (p.Leu245Pro)	23554	TSPAN12	['CCTTCTATCATAATACAGAGCCCAGRGCAGAGTAATGGTGAGAATCATGGC']
1828	NM_001159772.1(CANT1):c.671T>C (p.Leu224Pro)	124583	CANT1	['CTCCTTGCCCAGGCCGCCCACGTACRGACGCTCGTCCTTCACTGCCAGCCA']
1829	NM_001006657.1(WDR35):c.781T>C (p.Trp261Arg)	57539	WDR35	['TGGCATGTACGTAGTAGGCATCCAGYGGAACCACATGGGCAGCGTGTTAGC']
1830	NM_000420.2(KEL):c.1790T>C (p.Leu597Pro)	3792	KEL	['TCAACAGTACTGCCTGGGGGCTGCCYCGCCTGTGACAACCATGCCCTCCAG']
1831	NM_001243473.1(B9D1):c.400+2T>C	27077	B9D1	['AGGGCCCAGGTCAGAATGAGGACCTRCCGGCCAGGTGAGAAGGGCACGTGC']
1832	NM_015175.2(NBEAL2):c.1163	23218	NBEAL2	['ATTGCAGTCCATGTAGTCAGAGTGCYGACCT

【表６－５４】

	T>C (p.Leu388Pro)			GCATCATGAGTGACTCCCCC']
1833	NM_000196.3(HSD11B2):c.1012T>C (p.Tyr338His)	3291	HSD11B2	['GCTGGCAGCTCGGCCCCGCCGCCGCYATTACCCCGGCCAGGGCCTGGGGCT']
1834	NM_024599.5(RHBDF2):c.557T>C (p.Ile186Thr)	79651	RHBDF2	['GCTTACCGCCCCCCTCCCTTCCAGAYTGTGGATCCGCTGGCCCGGGGCCGG']
1835	NM_001256714.1(DNAAF3):c.386T>C (p.Leu129Pro)	352909	DNAAF3	['GGCTCTGTGGATGGACGGCACCTGCYGCGGACCCTGTCCCGAGCGAAGTTC']
1836	NM_020894.2(UVSSA):c.94T>C (p.Cys32Arg)	57654	UVSSA	['GAAAATGAAGGAACTGAAGAAAATTYGCAAGTATGTCTTAGGGTTCAGTAA']
1837	NM_004453.3(ETFDH):c.1130T>C (p.Leu377Pro)	2110	ETFDH	['TTGTTTCCTCAGTCTATACCAAAACYCACCTTTCCTGGTGGTTTACTAATT']
1838	NM_024306.4(FA2H):c.707T>C (p.Phe236Ser)	79152	FA2H	['CTCATCGAGTACCTCATCCACCGCTYCCTGTTCCACATGAAGCCCCCCAGC']
1839	NM_001004127.2(ALG11):c.112T>C (p.Leu381Ser)	-1	-	['AAAATAAACATTCCATTTGATGAATYAAAGAATTATTTGTCTGAAGCAACA']
1840	NM_021167.4(GATAD1):c.304T>C (p.Ser102Pro)	57798	GATAD1	['TCGGCTCAGAAACACTAAATACAAAYCTGCTCCGGCTGCTGAAAAGAAAGT']
1841	NM_016042.3(EXOSC3):c.712T>C (p.Trp238Arg)	51010	EXOSC3	['AGTATTTGGAATGAATGGAAGAATAYGGGTTAAGGCAAAAACCATCCAGCA']
1842	NM_001018005.1(TPM1):c.515T>C (p.Ile172Thr)	7168	TPM1	['CAGGTGGCCCGTAAGCTGGTCATCAYTGAGAGCGACCTGGAACGTGCAGAG']
1843	NM_001018005.1(TPM1):c.842T>C (p.Met281Thr)	7168	TPM1	['GAGCTGGACCACGCTCTCAACGATAYGACTTCCATGTAAACGTTCATCCAC']
1844	NM_033360.3(KRAS):c.211T>C (p.Tyr71His)	3845	KRAS	['GGAGTACAGTGCAATGAGGGACCAGYACATGAGGACTGGGGAGGGCTTTCT']
1845	NM_006218.2(PIK3CA):c.1258T>C (p.Cys420Arg)	5290	PIK3CA	['TTTTTCTTTGTTTTTTAAGGAACACYGTCCATTGGCATGGGGAAATATAAA']
1846	NM_006265.2(RAD21):c.1753T>C (p.Cys585Arg)	-1	-	['TGAATCTATCAGTTTGCTTGAGTTAYGTCGAAATACGAACAGAAAACAAGC']
1847	NM_000222.2(KIT):c.1859T>C (p.Val620Ala)	3815	KIT	['ATTAAGTCAGATGCGGCCATGACTGYCGCTGTAAAGATGCTCAAGCGTAAG']
1848	NM_000076.2(CDKN1C):c.827T>C (p.Phe276Ser)	1028	CDKN1C	['CGCGCGCTGTCGCCCGCAGATTTCTYCGCCAAGCGCAAGAGATCAGCGCCT']
1849	NM_005691.3(ABCC9):c.3058T>C (p.Ser1020Pro)	10060	ABCC9	['AGACTATTGGCTGGCCACATGGACAYCGGAGTACAGTATAAACAATACTGG']
1850	NM_012343.3(NNT):c.2930T>C (p.Leu977Pro)	23530	NNT	['ATGCCTGGTCAGCTTAATGTGCTGCYGGCTGAGGCTGGTGTGCCATATGAC']
1851	NM_024110.4(CARD14):c.467T>C (p.Leu156Pro)	79092	CARD14	['GTGCTGCTGCGGCGGTGCCAGCAGCYGCAGGAGCACCTGGGCCTGGCCGAG']
1852	NM_000492.3(CFTR):c.1400T>C (p.Leu467Pro)	1080	CFTR	['GATGGGTTTTATTTCCAGACTTCACYTCTAATGGTGATTATGGGAGAACTG']
1853	NM_000518.4(HBB):c.2T>C (p.Met1Thr)	3043	HBB	['CACTAGCAACCTCAAACAGACACCANGGTGCATCTGACTCCTGAGGAGAAG']
1854	NM_000518.4(HBB):c.*110T>C	3043	HBB	['CCTTGAGCATCTGGATTCTGCCTAAHAAAAA

【表６－５５】

				ACATTTATTTTCATTGCAAT']
1855	NM_000518.4(HBB):c.92+2T>C	3043	HBB	['AGTTGGTGGTGAGGCCCTGGGCAGGNTGGTATCAAGGTTACAAGACAGGTT']
1856	NM_000206.2(IL2RG):c.455T>C (p.Val152Ala)	3561	IL2RG	['ACCACATATGCACACATATCTCCAGYGATCCCCTGGGCTCCAGAGAACCTA']
1857	NM_000244.3(MEN1):c.518T>C (p.Leu173Pro)	4221	MEN1	['GCTGTGGTTGGGGCCTGCCAGGCCCYGGGTCTCCGGGATGTCCACCTCGCC']
1858	NM_000256.3(MYBPC3):c.2374T>C (p.Trp792Arg)	4607	MYBPC3	['CCGCCATCGTAGGCAGGCGGCTCCCVCTGTACTGTGCAGGAGTCCTCTCCC']
1859	NM_002501.3(NFIX):c.179T>C (p.Leu60Pro)	4784	NFIX	['GAGGAGCGGGCGGTGAAGGACGAGCYGCTGGGCGAGAAGCCCGAGATCAAG']
1860	NM_005022.3(PFN1):c.341T>C (p.Met114Thr)	5216	PFN1	['CCTCCTCCAGCGCTAGTCCTGCTGAYGGGCAAAGAAGGTGTCCACGGTGGT']
1861	NM_001172567.1(MYD88):c.818T>C (p.Leu273Pro)	4615	MYD88	['CTTGCAGGTGCCCATCAGAAGCGACYGATCCCCATCAAGTACAAGGCAATG']
1862	NM_001161581.1(POC1A):c.398T>C (p.Leu133Pro)	25886	POC1A	['GCCAGTGATGACAAGACTGTTAAGCYGTGGGACAAGAGCAGCCGGGAATGT']
1863	NM_005270.4(GLI2):c.4663T>C (p.Ser1555Pro)	2736	GLI2	['CCCCCGAAACTCCTTGACCCTGCCCYCCATCCCCGCAGGCATCAGCAACAT']
1864	NM_152296.4(ATP1A3):c.2431T>C (p.Ser811Pro)	478	ATP1A3	['CTCCTCCGCCTAGGTCCCTGCCATCYCACTGGCGTACGAGGCTGCCGAAAG']
1865	NM_022787.3(NMNAT1):c.838T>C (p.Ter280Gln)	64802	NMNAT1	['GAGAAACACTGCAGAAGCTAAGACAYAGGAATTCTACAGCATGATATTTCA']
1866	NM_005340.6(HINT1):c.250T>C (p.Cys84Arg)	3094	HINT1	['ACACTTAATGATTGTTGGCAAGAAAYGTGCTGCTGATCTGGGCCTGAATAA']
1867	NM_000155.3(GALT):c.416T>C (p.Leu139Pro)	2592	GALT	['TTCCACCCCTGGTCGGATGTAACGCYGCCACTCATGTCGGTCCCTGAGATC']
1868	NM_000155.3(GALT):c.386T>C (p.Met129Thr)	2592	GALT	['CTCCCGTCACCACCCAGTAAGGTCAYGTGCTTCCACCCCTGGTCGGATGTA']
1869	NM_000155.3(GALT):c.680T>C (p.Leu227Pro)	2592	GALT	['ATGGAGTACAGCCGCCAGGAGCTACYCAGGAAGGTGGGAGAGAGCCAAGCC']
1870	NM_007294.3(BRCA1):c.4986+6T>C	672	BRCA1	['GCCTGACCCCAGAAGAATTTGTGAGBGTATCCATATGTATCTCCCTAATGA']
1871	NM_007294.3(BRCA1):c.5074+2T>C	672	BRCA1	['CTACTCATGTTGTTATGAAAACAGGYATACCAAGAACCTTTACAGAATACC']
1872	NM_007294.3(BRCA1):c.5207T>C (p.Val1736Ala)	672	BRCA1	['GGTTTCTTTCAGCATGATTTTGAAGBCAGAGGAGATGTGGTCAATGGAAGA']
1873	NM_002437.4(MPV17):c.186+2T>C	4358	MPV17	['TGAAGCCCTGTTGAGGGGAGAACTTRCCACAAAGCCACAGCCCAGGGACAC']
1874	NM_002769.4(PRSS1):c.116T>C (p.Val39Ala)	-1	-	['GAGGAGAATTCTGTCCCCTACCAGGYGTCCCTGAATTCTGGCTACCACTTC']
1875	NM_004211.3(SLC6A5):c.1444T>C (p.Trp482Arg)	9152	SLC6A5	['GATTTTCTTCTCTTTATCTGCTGCAYGGGGAGGCCTGATCACTCTCTCTTC']
1876	NM_005211.3(CSF1R):c.2297T>	1436	CSF1R	['TTCTCCAGCCAAGTAGCCCAGGGCAYGGCC

【表６－５６】

	C (p.Met766Thr)			TTCCTCGCTTCCAAGAATGTG']
1877	NM_005211.3(CSF1R):c.2546T>C (p.Phe849Ser)	1436	CSF1R	['TATGGCATCCTCCTCTGGGAGATCTYCTCACTTGGTGAGCCACTGGGCCCA']
1878	NM_005211.3(CSF1R):c.2603T>C (p.Leu868Pro)	1436	CSF1R	['CTGGTGAACAGCAAGTTCTATAAACBGGTGAAGGATGGATACCAAATGGCC']
1879	NM_006796.2(AFG3L2):c.1997T>C (p.Met666Thr)	10939	AFG3L2	['ATTTTTCAGATTGTTCAGTTTGGCABGAATGAAAAGGTTGGGCAAATCTCC']
1880	NM_018713.2(SLC30A10):c.1046T>C (p.Leu349Pro)	55532	SLC30A10	['GTAAGTGGAAAGATTATTGCCACCCYGCACATCAAGTATCCTAAGGACAGG']
1881	NM_018713.2(SLC30A10):c.500T>C (p.Phe167Ser)	55532	SLC30A10	['GCGGAGGGCTGTGTCCCCGGCGCTTYCGGGGGGCCTCAGGGCGCGGAGGAC']
1882	NM_000060.3(BTD):c.212T>C (p.Leu71Pro)	686	BTD	['TATGAGCATCCATCCATCCTGAGTCYGAACCCTCTGGCTCTCATCAGCCGC']
1883	NM_000495.4(COL4A5):c.438+2T>C	1287	COL4A5	['TTTCCTGGTTTACAGGGTCCTCCAGYAAGTTATAAAATTTGGGATTATGAT']
1884	NM_000282.3(PCCA):c.491T>C (p.Ile164Thr)	5095	PCCA	['CAGGCAGCAGAAGATGTCGTTTTCAYTGGACCTGACACACATGCTATTCAA']
1885	NM_000532.4(PCCB):c.1556T>C (p.Leu519Pro)	5096	PCCB	['ACACGTGCCCGAATCTGCTGTGACCYGGATGTCTTGGCCAGCAAGAAGGTA']
1886	NM_001099274.1(TINF2):c.860T>C (p.Leu287Pro)	26277	TINF2	['CATAAGGAGCGCCCCACAGTCATGCYGTTTCCCTTTAGGAATCTCGGCTCA']
1887	NM_001099274.1(TINF2):c.862T>C (p.Phe288Leu)	26277	TINF2	['TAAGGAGCGCCCCACAGTCATGCTGYTTCCCTTTAGGAATCTCGGCTCACC']
1888	NM_001363.4(DKC1):c.1049T>C (p.Met350Thr)	1736	DKC1	['TCAATGCCTGTAGCTATTGCATTAAYGACCACAGCGGTCATCTCTACCTGC']
1889	NM_001363.4(DKC1):c.1193T>C (p.Leu398Pro)	1736	DKC1	['AAGCTGATGATCAAGCAGGGCCTTCYGGACAAGCATGGGAAGCCCACAGAC']
1890	NM_004614.4(TK2):c.156+2T>C	7084	TK2	['CAGGAAAAAGAGAAAAAATCAGTGGYAAGTCCCTCTTTTATGTGTACTCTC']
1891	NM_004614.4(TK2):c.644T>C (p.Leu215Pro)	7084	TK2	['GAATACCTGGAAGCAATTCACCATCYCCATGAGGAGTGGCTCATCAAAGGC']
1892	NM_024312.4(GNPTAB):c.1208T>C (p.Ile403Thr)	79158	GNPTAB	['ATCGAAGGGCTGTCCCAGAAGTTTAYTTACCTAAATGATGATGTCATGTTT']
1893	NM_024312.4(GNPTAB):c.3002T>C (p.Leu1001Pro)	79158	GNPTAB	['TTTGCCTTCTCTTATTTTTATTATCYCATGAGTGCAGTGCAGCCACTGAAT']
1894	NM_198253.2(TERT):c.3043T>C (p.Cys1015Arg)	7015	TERT	['CCGCCATCCTCTCAGGTTTCACGCAYGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCA']
1895	NM_207352.3(CYP4V2):c.1021T>C (p.Ser341Pro)	285440	CYP4V2	['TACAACTGCAGCTGCAATAAACTGGYCCTTATACCTGTTGGGTTCTAACCC']
1896	NM_207352.3(CYP4V2):c.655T>C (p.Tyr219His)	285440	CYP4V2	['TGCTCAAAGTAATGATGATTCCGAGYATGTCCGTGCAGTTTATAGGTAAAT']
1897	NM_000335.4(SCN5A):c.5504T>C (p.Ile1835Thr)	6331	SCN5A	['GCCAAGCCCAACCAGATAAGCCTCAYCAACATGGACCTGCCCATGGTGAGT']
1898	NM_001111.4(ADAR):c.2615T>	103	ADAR	['CTCGGCCGCAAGATTCTGGCCGCCAYCATTA

【表６－５７】

	C (p.Ile872Thr)			TGAAAAAAGACTCTGAGGAC']
1899	NM_004281.3(BAG3):c.1385T>C (p.Leu462Pro)	9531	BAG3	['ATCGAAGAGTATTTGACCAAAGAGCYGCTGGCCCTGGATTCAGTGGACCCC']
1900	NM_183075.2(CYP2U1):c.784T>C (p.Cys262Arg)	113612	CYP2U1	['TTTTATGTCACGAGGCCTAGAAATCYGTCTGAACAGTCAAGTCCTCCTGGT']
1901	NM_006177.3(NRL):c.287T>C (p.Met96Thr)	4901	NRL	['TTGGGGCTGAGTCCTGAAGAGGCCAYGGAGCTGCTGCAGGGTCAGGGCCCA']
1902	NM_000344.3(SMN1):c.388T>C (p.Tyr130His)	6606	SMN1	['AACCTGTGTTGTGGTTTACACTGGAYATGGAAATAGAGAGGAGCAAAATCT']
1903	NM_152692.4(C1GALT1C1):c.577T>C (p.Ser193Pro)	29071	C1GALT1C1	['AGGAGGAATTGTCTTAAGTGTAGAAYCAATGAAAAGACTTAACAGCCTTCT']
1904	NM_024531.4(SLC52A2):c.368T>C (p.Leu123Pro)	79581	SLC52A2	['TTAGCACTGGCCTTTGTGCTGGCACYGGCATGCTGTGCCTCGAATGTCACT']
1905	NM_001253816.1(SLC52A2):c.1016T>C (p.Leu339Pro)	79581	SLC52A2	['GCTCACTGCAGGTCCTTGGCAGGGCYGGGCGGCCTCTCTCTGCTGGGCGTG']
1906	NM_002609.3(PDGFRB):c.1973T>C (p.Leu658Pro)	5159	PDGFRB	['TCGGAGCTGAAGATCATGAGTCACCYTGGGCCCCACCTGAACGTGGTCAAC']
1907	NM_020822.2(KCNT1):c.2386T>C (p.Tyr796His)	57582	KCNT1	['CAACAGCTATGAAGACGCCAAGGCCYACGGGTTCAAGAACAAGCTGATCAT']
1908	NM_001369.2(DNAH5):c.1121T>C (p.Ile374Thr)	1767	DNAH5	['ACTATAGATCATTTTAATTGCATTTRTAAGTGTAGGAATAGCATCCATCAT']
1909	NM_017802.3(DNAAF5):c.2384T>C (p.Leu795Pro)	54919	DNAAF5	['GTCCAGTACCTGTACCGAGAGTTGCYGGTTCACCTTGACGATCCAGAGAGG']
1910	NM_006383.3(CIB2):c.272T>C (p.Phe91Ser)	10518	CIB2	['GAGGGGAACCTCACTTTCAACGACTYTGTGGACATGTTTTCCGTGCTCTGC']
1911	NM_006383.3(CIB2):c.368T>C (p.Ile123Thr)	10518	CIB2	['ACAGACTTCAACACTGACAACTTCAYCTGCAAGGAGGACCTGGAGCTGACG']
1912	NM_005334.2(HCFC1):c.-970T>C	3054	HCFC1	['TTAGTTGTTACTTCTTCACACAAGAYGGCGGCTCCCAGGGAGGAGGCATGA']
1913	NM_178012.4(TUBB2B):c.350T>C (p.Leu117Pro)	347733	TUBB2B	['GGAGCCGAGCTGGTCGACTCGGTCCYGGATGTGGTGAGGAAGGAGTCAGAG']
1914	NM_000431.3(MVK):c.764T>C (p.Leu255Pro)	4598	MVK	['GTGGCTGGCGTCAGAAACAGGCTGCYCAAGGTGACTCTTGTTCCCTTCTTG']
1915	NM_000431.3(MVK):c.122T>C (p.Leu41Pro)	4598	MVK	['TTGAACTTGAGAACATTCCTCCGGCYTCAACCCCACAGCAATGGGAAAGTG']
1916	NM_000431.3(MVK):c.1039+2T>C	4598	MVK	['GTGGCATCACACTCCTCAAGCCAGGYATCCCGGGGGTAGGTGGGCCAGGCT']
1917	NM_000431.3(MVK):c.1094T>C (p.Phe365Ser)	4598	MVK	['AAGCAGGCCCTGACCAGCTGTGGCTYTGACTGCTTGGAAACCAGCATCGGT']
1918	NM_004055.4(CAPN5):c.731T>C (p.Leu244Pro)	726	CAPN5	['ACAGCAGCTGACATGGAGGCCCGCCYGGCGTGCGGCCTGGTAAAGGGCCAC']
1919	NM_133497.3(KCNV2):c.491T>C (p.Phe164Ser)	169522	KCNV2	['GCCGTCTTCCAGCTGGTCTACAATTYCTACCTGTCCGGGGTGCTGCTGGTG']
1920	NM_006567.3(FARS2):c.986T>	10667	FARS2	['ATGATCCTCTACGACATCCCTGATAYCCGTC

【表６－５８】

	C (p.Ile329Thr)			TCTTCTGGTGTGAGGACGAG']
1921	NM_020376.3(PNPLA2):c.757+2T>C	57104	PNPLA2	['GCCTGCGCTTTCTGCAGCGGAACGGYGCGCGGACCCGGGCGGGAGAGGGCG']
1922	NM_018344.5(SLC29A3):c.607T>C (p.Ser203Pro)	55315	SLC29A3	['TATGAGGAACTCCCAGGCACTGATAYCAGGTGAGAGCCAGGGTCCGGGCAG']
1923	NM_012275.2(IL36RN):c.115+6T>C	26525	IL36RN	['TGCAGGGAAGGTCATTAAAGGTTGGYGATGAAACATGACCCACTTTCCTTG']
1924	m.9191T>C	4508	MT-ATP6	['TTCACACTTCTAGTAAGCCTCTACCYGCACGACAACACATAATGACCCACC']
1925	NM_000108.4(DLD):c.140T>C (p.Ile47Thr)	1738	DLD	['GTAGTTGATGCTGATGTAACAGTTAYAGGTTCTGGTCCTGGAGGATATGTT']
1926	NM_000080.3(CHRNE):c.223T>C (p.Trp75Arg)	-1	-	['AGAGGAGACTCTCACCACTAGCGTCYGGATTGGAATCGTGAGTCAAATCTG']
1927	NM_004376.5(COX15):c.1030T>C (p.Ser344Pro)	1355	COX15	['TGCCATTACAGTGCTCTACTTCCTCBCTCGGAGAATTCCCCTTCCTAGAAG']
1928	NM_004333.4(BRAF):c.1403T>C (p.Phe468Ser)	673	BRAF	['GGACAAAGAATTGGATCTGGATCATYTGGAACAGTCTACAAGGGAAAGTGG']
1929	NM_004333.4(BRAF):c.1454T>C (p.Leu485Ser)	673	BRAF	['TTAGGTGATGTGGCAGTGAAAATGTYGAATGTGACAGCACCTACACCTCAG']
1930	NM_005188.3(CBL):c.1201T>C (p.Cys401Arg)	867	CBL	['GATTGAGCCCTGTGGACACCTCATGYGCACATCCTGTCTTACATCCTGGCA']
1931	NM_002834.3(PTPN11):c.211T>C (p.Phe71Leu)	5781	PTPN11	['CTATGACCTGTATGGAGGGGAGAAABTTGCCACTTTGGCTGAGTTGGTCCA']
1932	NM_002834.3(PTPN11):c.853T>C (p.Phe285Leu)	5781	PTPN11	['AAATAGATATAAAAACATCCTGCCCBGTAAGTATCAATATTCCGCTCAGTA']
1933	NM_002880.3(RAF1):c.769T>C (p.Ser257Pro)	5894	RAF1	['AGGTTCCCTCTCCCAGAGGCAGAGGYCGACATCCACACCTAATGTCCACAT']
1934	NM_002880.3(RAF1):c.1423T>C (p.Phe475Leu)	5894	RAF1	['AGTCCTTAACAAGCATTGAGATATAYTTCTCCATGAAGGCTTAACAGTGAA']
1935	NM_005633.3(SOS1):c.806T>C (p.Met269Thr)	6654	SOS1	['GGCCATATAGAAGATACAGTAGAAABGACAGATGAAGGCAGTCCCCATCCA']
1936	NM_005633.3(SOS1):c.1649T>C (p.Leu550Pro)	6654	SOS1	['ATATCTTTACAGTACCGGAGTACACYGGAAAGGATGCTTGATGTAACAATG']
1937	NM_005633.3(SOS1):c.2104T>C (p.Tyr702His)	6654	SOS1	['TCGGCACTGGGTAGAGCACCACTTCYATGATTTTGAAAGAGATGCATATCT']
1938	NM_002755.3(MAP2K1):c.388T>C (p.Tyr130His)	5604	MAP2K1	['CAACTCTCCGTACATCGTGGGCTTCYATGGTGCGTTCTACAGCGATGGCGA']
1939	NC_012920.1:m.7505T>C	4574	MT-TS1	['TTTCAAGCCAACCCCATGGCCTCCAYGACTTTTTCAAAAAGGTATTAGAAA']
1940	NM_000084.4(CLCN5):c.674T>C (p.Leu225Pro)	1184	CLCN5	['GTGGCTTGCTGCTGTGGGAACATCCYGTGCCACTGCTTCAACAAATACAGG']
1941	NM_000530.6(MPZ):c.89T>C (p.Ile30Thr)	4359	MPZ	['GCAGTGCTGTCCCCGGCCCAGGCCAYCGTGGTTTACACCGACAGGGAGGTC']
1942	NM_000530.6(MPZ):c.244T>C	4359	MPZ	['CCCTCATTCCTCATAGATCTTCCACYATGCC

【表６－５９】

	(p.Tyr82His)			AAGGGACAACCCTACATTGA']
1943	NM_000530.6(MPZ):c.266T>C (p.Ile89Thr)	4359	MPZ	['CACTATGCCAAGGGACAACCCTACAHTGAC GAGGTGGGGACCTTCAAAGAG']
1944	NM_000748.2(CHRNB2):c.923T >C (p.Val308Ala)	1141	CHRNB2	['TACCTCATGTTCACCATGGTGCTTGYCACCT TCTCCATCGTCACCAGCGTG']
1945	NM_003611.2(OFD1):c.111+2T >C	8481	OFD1	['CGGGGTATACTGGATACACTCAAGGYATCG GATTTAGGCGTATCTGTGTCA']
1946	NM_003611.2(OFD1):c.274T>C (p.Ser92Pro)	8481	OFD1	['AAGATGTGGCTATGAATATTCACTTYCTGTT TTCTTTCCAGAAAGTGGTTT']
1947	NM_024408.3(NOTCH2):c.1117 T>C (p.Cys373Arg)	4853	NOTCH2	['GCCCCACCCTGTGACAGGTCTCCTGYGTCAT CTGGATGATGCATGCATCAG']
1948	NM_024408.3(NOTCH2):c.1438 T>C (p.Cys480Arg)	4853	NOTCH2	['TCTGGATAAGATTGGAGGCTTCACAYGTCTG TGCATGCCAGGTAAATGGGC']
1949	NM_000540.2(RYR1):c.9242T> C (p.Met3081Thr)	6261	RYR1	['CCCCGCTGCCCTTCTAGGACAGTGAYGAAGT CAGGCCCTGAGATCGTGAAG']
1950	NM_000096.3(CP):c.650T>C (p.Phe217Ser)	1356	CP	['AAAGAAAAACATATTGACCGAGAATYTGTG GTGATGTTTTCTGTGGTGGAT']
1951	NM_000096.3(CP):c.548T>C (p.Ile183Thr)	1356	CP	['GTGACTAGGATTTACCATTCCCACABTGATG CTCCAAAAGATATTGCCTCA']
1952	NM_000540.2(RYR1):c.1205T> C (p.Met402Thr)	6261	RYR1	['CAGGAGGAGTCCCAGGCCGCCCGCAYGATC CACAGCACCAATGGCCTATAC']
1953	NM_006517.4(SLC16A2):c.1253 T>C (p.Leu418Pro)	6567	SLC16A2	['TTCGGGGGCCTTATCGTCGTCTGTCYTTTCCT GGGCCTTTGCGATGGCTTC']
1954	NM_000096.3(CP):c.1123T>C (p.Tyr375His)	1356	CP	['CCGTGGGAAGCATGTTAGACACTACYACAT TGCCGCTGAGGAAATCATCTG']
1955	NM_002739.3(PRKCG):c.391T> C (p.Cys131Arg)	5582	PRKCG	['CGGGCTTGTGCACCAGGGCATGAAAHGCTC CTGTGAGTGACCTGGGCCTTG']
1956	NM_000116.4(TAZ):c.310T>C (p.Phe104Leu)	6901	TAZ	['GACCCCTGCAGCTGCAGACATCTGCYTCACC AAGGAGCTACACTCCCACTT']
1957	NM_000138.4(FBN1):c.2341T> C (p.Cys781Arg)	2200	FBN1	['CAGTCTCCTTTGTGACAATGGACAAYGTAGA AATACTCCTGGAAGTTTTGT']
1958	NM_000138.4(FBN1):c.4222T> C (p.Cys1408Arg)	2200	FBN1	['CTTTCTGGCTGTAGACCTTGATGAGYGCTCT GAGAACCTGAATCTCTGTGG']
1959	NM_000256.3(MYBPC3):c.1351 +2T>C	4607	MYBPC3	['GTAGCACGGAGCTCTTTGTGAAAGGYGGGC CTGGGACCTGAGGATGTGGGA']
1960	NM_000256.3(MYBPC3):c.3392 T>C (p.Ile1131Thr)	4607	MYBPC3	['GACGCGGAAGTAGTAGCCATTGCCARTGAT GAGCTCTGGCACCACGCAGTG']
1961	NM_000256.3(MYBPC3):c.821+ 2T>C	4607	MYBPC3	['CCTCCTATCAGCCTTCCGCCGCACGYGAGTG GCCATCCTCAGGGCCTGGGG']
1962	NM_000257.3(MYH7):c.1370T> C (p.Ile457Thr)	4625	MYH7	['ACCAAGCAGCCACGCCAGTACTTCAYAGGA GTCCTGGACATCGCTGGCTTC']
1963	NM_000257.3(MYH7):c.2093T> C (p.Val698Ala)	4625	MYH7	['ATGCACCAGCTGCGCTGCAATGGTGYGCTG GAGGGCATCCGCATCTGCAGG']
1964	NM_000257.3(MYH7):c.2546T>	4625	MYH7	['AAGAGTGCAGAAAGAGAGAAGGAGAYGGC

【表６－６０】

	C (p.Met849Thr)			CTCCATGAAGGAGGAGTTCACA']
1965	NM_000257.3(MYH7):c.2555T>C (p.Met852Thr)	4625	MYH7	['GAAAGAGAGAAGGAGATGGCCTCCAHGAAGGAGGAGTTCACACGCCTCAAA']
1966	NM_000257.3(MYH7):c.602T>C (p.Ile201Thr)	4625	MYH7	['CAGTACTTTGCTGTTATTGCAGCCAYTGGGGACCGCAGCAAGAAGGACCAG']
1967	NM_000257.3(MYH7):c.788T>C (p.Ile263Thr)	4625	MYH7	['ACAGGAAAGTTGGCATCTGCAGACAYAGAGACCTGTGAGTGCCATGAATCT']
1968	NM_000260.3(MYO7A):c.5573T>C (p.Leu1858Pro)	4647	MYO7A	['CTCCTGCCCCACGTGCAGCGCTTCCYGCAGTCCCGAAAGCACTGCCCACTC']
1969	NM_000441.1(SLC26A4):c.164+2T>C	5172	SLC26A4	['GGAGAGCCTGGCCAAGTGCTGCAGGYAGCGGCCGCGCGGGCCTGCGTAGAG']
1970	NM_000441.1(SLC26A4):c.2T>C (p.Met1Thr)	-1	-	['TCGCTGTCCTCTGGCTCGCAGGTCABGGCAGCGCCAGGCGGCAGGTCGGAG']
1971	NM_000441.1(SLC26A4):c.765+2T>C	5172	SLC26A4	['AATGGAGTTCTCTCTATTATCTATGYAAGTGTTGCTTCTTGCTCCAGGGAT']
1972	NM_000551.3(VHL):c.497T>C (p.Val166Ala)	7428	VHL	['CTGAAAGAGCGATGCCTCCAGGTTGYCCGGAGCCTAGTCAAGCCTGAGAAT']
1973	NM_001399.4(EDA):c.2T>C (p.Met1Thr)	1896	EDA	['AGAGAGTGGGTGTCTCCGGAGGCCAYGGGCTACCCGGAGGTGGAGCGCAGG']
1974	NM_001943.3(DSG2):c.523+2T>C	1829	DSG2	['CTGTTGAAGAGTTGAGTGCAGCACGYAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTAAT']
1975	NM_004572.3(PKP2):c.2062T>C (p.Ser688Pro)	5318	PKP2	['TTGCGGACACTTTTGGCGATCAAGGRCAGATACATCCTTATAACAATGGAA']
1976	NM_005633.3(SOS1):c.1310T>C (p.Ile437Thr)	6654	SOS1	['ATTGATGGTTGGGAGGGAAAAGACABTGGACAGTGTTGTAATGAATTTATA']
1977	NM_170707.3(LMNA):c.799T>C (p.Tyr267His)	4000	LMNA	['GTATAAGAAGGAGCTGGAGAAGACTYATTCTGCCAAGGTGCTTGCTCTCGA']
1978	NM_206933.2(USH2A):c.10561T>C (p.Trp3521Arg)	7399	USH2A	['TCTTGAAGATACAATTGTCTTAAACYGGAGAAAACCTATACAATCAAATGG']
1979	NM_206933.2(USH2A):c.1606T>C (p.Cys536Arg)	7399	USH2A	['CGACACAACAAGCCAGCCATATAGAYGCCTCTGCTCCCAGGAGAGCTTCAC']
1980	NM_206933.2(USH2A):c.5857+2T>C	-1	-	['GTCGAGGACGTACAACAGGAGCAGGYAAATACTTATCTTCAAATGCATATG']
1981	NM_000492.3(CFTR):c.1090T>C (p.Ser364Pro)	1080	CFTR	['CTGGGCTGTACAAACATGGTATGACYCTCTTGGAGCAATAAACAAAATACA']
1982	NM_000548.3(TSC2):c.5150T>C (p.Leu1717Pro)	7249	TSC2	['CCCTTCGTGGCCCGCCAGATGGCCCYGCACGCAAATGTGAGTGGGGGTGGG']
1983	NM_000548.3(TSC2):c.2410T>C (p.Cys804Arg)	7249	TSC2	['CCTCATCCACCGCTGTGCCAGCCAGYGCGTCGTGGCCTTGTCCATCTGCAG']
1984	NM_000548.3(TSC2):c.3106T>C (p.Ser1036Pro)	7249	TSC2	['GGACATGATGGCTCGATACGTCTTCYCCAACTTCACGGCTGTCCCGAAGAG']
1985	NM_000212.2(ITGB3):c.2231T>C (p.Leu744Pro)	-1	-	['GCCGCCCTGCTCATCTGGAAACTCCYCATCACCATCCACGACCGAAAAGAA']
1986	NM_183415.2(UBE3B):c.1741+	89910	UBE3B	['AGATGATCTGGGATGGAATTGTAGGYAAGA

【表６－６１】

	2T>C			GAAAAGGTGTCTGCTGTTGTT']
1987	NM_005120.2(MED12):c.3493T>C (p.Ser1165Pro)	9968	MED12	['CCTTTTAGCTTGTAGTGAACAGGACYCTGAGCCAGGGGCCCGGCTTACCTG']
1988	NM_001033053.2(NLRP1):c.230T>C (p.Met77Thr)	22861	NLRP1	['CTAGCCCTCCATACCTGGGAGCAGAYGGGGCTGAGGTCACTGTGCGCCCAA']
1989	NM_025152.2(NUBPL):c.815-27T>C	80224	NUBPL	['ATGCCTATATGAACTTTTCTGGTTCYAATGGATGTCTGCTGGGCTCTTTTA']
1990	NM_001288953.1(TTC7A):c.2366T>C (p.Leu789Pro)	57217	TTC7A	['GCGTGGCAGGGCCTGGGCGAGGTGCYGCAGGCCCAGGGCCAGAACGAGGCT']
1991	NM_014845.5(FIG4):c.524T>C (p.Leu175Pro)	9896	FIG4	['TACAGCTATGATTTGTCCCACTCACYTCAATATAATCTCACTGTCTTGCGA']
1992	NM_000059.3(BRCA2):c.2T>C (p.Met1Thr)	675	BRCA2	['ATTGGAGGAATATCGTAGGTAAAAABGCCTATTGGATCCAAAGAGAGGCCA']
1993	NM_000059.3(BRCA2):c.316+2T>C	675	BRCA2	['TAGATAAATTCAAATTAGACTTAGGYAAGTAATGCAATATGGTAGACTGGG']
1994	NM_000059.3(BRCA2):c.67+2T>C	675	BRCA2	['TTAAGACACGCTGCAACAAAGCAGGHATTGACAAATTTTATATAACTTTAT']
1995	NM_000059.3(BRCA2):c.7958T>C (p.Leu2653Pro)	675	BRCA2	['AGATGCCTAAGCCCAGAAAGGGTGCYTCTTCAACTAAAATACAGGCAAGTT']
1996	NM_000218.2(KCNQ1):c.1016T>C (p.Phe339Ser)	3784	KCNQ1	['TGCTTCTCTGTCTTTGCCATCTCCTHCTTTGCGCTCCCAGCGGTAGGTGCC']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1045T>C (p.Ser349Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1052T>C (p.Phe351Ser)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1058T>C (p.Leu353Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1541T>C (p.Ile514Thr)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1661T>C (p.Val554Ala)	3784	KCNQ1	[]
1997	NM_000218.2(KCNQ1):c.1700T>C (p.Ile567Thr)	3784	KCNQ1	['CTTCTCTCCAGGCTGGACCAGTCCABTGGGAAGCCCTCACTGTTCATCTCC']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.2T>C (p.Met1Thr)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.341T>C (p.Leu114Pro)	3784	KCNQ1	[]
1998	NM_000218.2(KCNQ1):c.560T>C (p.Leu187Pro)	3784	KCNQ1	['GGCTGCCGCAGCAAGTACGTGGGCCYCTGGGGGCGGCTGCGCTTTGCCCGG']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.572T>C (p.Leu191Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.716T>C (p.Leu239Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.752T>	3784	KCNQ1	[]

【表６－６２】

	C (p.Leu251Pro)			
	NM_000218.2(KCNQ1):c.797T>C (p.Leu266Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.824T>C (p.Phe275Ser)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.910T>C (p.Trp304Arg)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.913T>C (p.Trp305Arg)	3784	KCNQ1	[]
1999	NM_000492.3(CFTR):c.1021T>C (p.Ser341Pro)	1080	CFTR	['CCTCCGGAAAATATTCACCACCATCYCATTCTGCATTGTTCTGCGCATGGC']
2000	NM_000492.3(CFTR):c.1853T>C (p.Ile618Thr)	1080	CFTR	['TTAAAGAAAGCTGACAAAATATTAAYTTTGCATGAAGGTAGCAGCTATTTT']
2001	NM_000492.3(CFTR):c.2780T>C (p.Leu927Pro)	1080	CFTR	['TACGTGGGAGTAGCCGACACTTTGCYTGCTATGGGATTCTTCAGAGGTCTA']
2002	NM_000492.3(CFTR):c.3230T>C (p.Leu1077Pro)	1080	CFTR	['GGACGGCAGCCTTACTTTGAAACTCYGTTCCACAAAGCTCTGAATTTACAT']
2003	NM_007294.3(BRCA1):c.115T>C (p.Cys39Arg)	672	BRCA1	['GATCAAGGAACCTGTCTCCACAAAGNGTGACCACATATTTTGCAAGTAAGT']
2004	NM_007294.3(BRCA1):c.190T>C (p.Cys64Arg)	672	BRCA1	['GAAAGGGCCTTCACAGTGTCCTTTABGTAAGAATGATATAACCAAAAGGTA']
2005	NM_007294.3(BRCA1):c.212+2T>C	672	BRCA1	['ATGTAAGAATGATATAACCAAAAGGYATATAATTTGGTAATGATGCTAGGT']
2006	NM_007294.3(BRCA1):c.2T>C (p.Met1Thr)	672	BRCA1	['TAAAGTTCATTGGAACAGAAAGAAABGGATTTATCTGCTCTTCGCGTTGAA']
2007	NM_007294.3(BRCA1):c.4357+2T>C	672	BRCA1	['CAGAACAAAGCACATCAGAAAAAGGBGTGTATTGTTGGCCAAACACTGATA']
2008	NM_007294.3(BRCA1):c.5291T>C (p.Leu1764Pro)	672	BRCA1	['CTCTTCTTCCAGATCTTCAGGGGGCYAGAAATCTGTTGCTATGGGCCCTTC']
2009	NM_007294.3(BRCA1):c.65T>C (p.Leu22Ser)	672	BRCA1	['GTCATTAATGCTATGCAGAAAATCTYAGAGTGTCCCATCTGGTAAGTCAGC']
2010	NM_005236.2(ERCC4):c.689T>C (p.Leu230Pro)	2072	ERCC4	['ATGCTTGCTATACAGACTGCTATACYGGACATTTTAAATGCATGTCTAAAG']
2011	NM_005236.2(ERCC4):c.706T>C (p.Cys236Arg)	2072	ERCC4	['TGCTATACTGGACATTTTAAATGCAYGTCTAAAGGAACTAAAATGCCATAA']
2012	NM_000435.2(NOTCH3):c.4556T>C (p.Leu1519Pro)	4854	NOTCH3	['GGCGTGCTGGTGCTCACAGTGCTGCYGCCGCCAGAGGAGCTACTGCGTTCC']
2013	NM_153704.5(TMEM67):c.1046T>C (p.Leu349Ser)	91147	TMEM67	['GGAAATTTTCTCAAGTGGCAAACTTYAGAAGGAGGTGTTTTACAGGTAAGC']
2014	NM_001142519.1(FAM111A):c.1531T>C (p.Tyr511His)	63901	FAM111A	['GTCTAAAAAAGCAGAAAGTCCAGAGYATGTCCATATGTATACTCAAAGAAG']
2015	NM_014795.3(ZEB2):c.3211T>C (p.Ser1071Pro)	9839	ZEB2	['GCGCTTCTCACACTCGGGCTCGTACYCGCAGCACATGAATCACAGGTATTC']
2016	NM_001199107.1(TBC1D24):c.	57465	TBC1D24	['CCCCTCTGCTACTTCGCCCGGGTCTYTGACG

【表６－６３】

	686T>C (p.Phe229Ser)			TCTTCCTGGTGGAGGGCTAC']
2017	NM_022114.3(PRDM16):c.2660T>C (p.Leu887Pro)	63976	PRDM16	['GTGGGAGCCCTGAAGGAGAAGTACCYGCGGCCGTCCCCGCTGCTCTTCCAC']
2018	NM_001130089.1(KARS):c.517T>C (p.Tyr173His)	3735	KARS	['AGCTTCTGGGGGAAAGCTCATCTTCYATGATCTTCGAGGAGAGGGGGTGAA']
2019	NM_005689.2(ABCB6):c.1067T>C (p.Leu356Pro)	10058	ABCB6	['CTCATCTTCTCCCACCTGCACGAGCYCTCACTGCGCTGGCACCTGGGGCGC']
2020	NM_001070.4(TUBG1):c.1160T>C (p.Leu387Pro)	7283	TUBG1	['CCCCTGTTTTCTGCACACCCCAAGCYCTTCGAGAGAACCTGTCGCCAGTAT']
2021	NM_001283009.1(RTEL1):c.3730T>C (p.Cys1244Arg)	-1	-	['CGGGCCCCTCTCAGCAGGCTGTGTGYGCCAGGGCTGTGGGGCAGAGGACGT']
2022	NM_001135021.1(ELMOD3):c.794T>C (p.Leu265Ser)	84173	ELMOD3	['ATCACCCACATTGCCATCCAGGCCTYGAGAGAGGAGTGTCTCTCCAGGTGA']
2023	NM_001382.3(DPAGT1):c.503T>C (p.Leu168Pro)	1798	DPAGT1	['CTACCATCTCTCCCCGCAGGAATCCYGTACTATGTCTACATGGGGCTGCTG']
2024	m.10237T>C	4537	MT-ND3	['CCATAAAATTCTTCTTAGTAGCTATYACCTTCTTATTATTTGATCTAGAAA']
2025	m.11253T>C	4538	MT-ND4	['TCCCTTCCCCTACTCATCGCACTAAYTTACACTCACAACACCCTAGGCTCA']
2026	m.12811T>C	4540	MT-ND5	['ATCCTTCTTGCTCATCAGTTGATGAYACGCCCGAGCAGATGCCAACACAGC']
2027	m.14325T>C	4541	MT-ND6	['ATTCAGCTTCCTACACTATTAAAGTYTACCACAACCACCACCCCATCATAC']
2028	NM_000142.4(FGFR3):c.2419T>C (p.Ter807Arg)	2261	FGFR3	['ACCCAGCAGTGGGGGCTCGCGGACGNGAAGGGCCACTGGTCCCCAACAATG']
2029	NM_000370.3(TTPA):c.548T>C (p.Leu183Pro)	7274	TTPA	['GTAGCCAAGAAGATTGCTGCTGTACYTACGGTAAATGTATATTTTAACTGT']
2030	NM_000375.2(UROS):c.139T>C (p.Ser47Pro)	7390	UROS	['TGAGTTTTTGTCTCTTCCCAGTTTCYCTGAGAAGGTAAGGCCTGTTGTGAC']
2031	NM_001006657.1(WDR35):c.1592T>C (p.Leu531Pro)	57539	WDR35	['TCTGGCACCATTCAGAGATACAGTCYACCTAATGTTGGTTTGATTCAAAAA']
2032	NM_001876.3(CPT1A):c.1451T>C (p.Leu484Pro)	1374	CPT1A	['GCAGATGCGCCGATCGTGGCCCACCYTTGGGAGGTGAGTTTTCACACTTTT']
2033	NM_004595.4(SMS):c.449T>C (p.Ile150Thr)	6611	SMS	['GACGAAGATTCACCTTATCAAAATAYAAAAATTCTACACTCGAAGCAGTTT']
2034	NM_005211.3(CSF1R):c.2483T>C (p.Phe828Ser)	1436	CSF1R	['AAGTGGATGGCCCCAGAGAGCATCTYTGACTGTGTCTACACGGTTCAGAGC']
2035	NM_170707.3(LMNA):c.644T>C (p.Leu215Pro)	4000	LMNA	['TCCTTCCTCCAACCCTTCCAGGAGCYGCGTGAGACCAAGCGCCGTCATGAG']
2036	NM_194248.2(OTOF):c.3413T>C (p.Leu1138Pro)	9381	OTOF	['CCACCCTCCAACCTCTCCCAGGTGCYGTTCTGGGGCCTACGGGACCTAAAG']
2037	NM_000540.2(RYR1):c.14762T>C (p.Phe4921Ser)	6261	RYR1	['TACAGGGTGGTCTTCGACATCACCTYCTTCTTCTTCGTCATCGTCATCCTG']
2038	NM_000540.2(RYR1):c.7358T>	6261	RYR1	['GCCGGCAAGGGTGAGGCCCTGCGGAYCCGC

【表６－６４】

	C (p.Ile2453Thr)			GCCATCCTCCGCTCCCTTGTG']
2039	NM_000540.2(RYR1):c.10817T>C (p.Leu3606Pro)	6261	RYR1	['GAAGTGTCAGCCGTGCTCTACTACCYGGACCAGGTGGGTGGGGCCGGAGGG']
2040	NM_000540.2(RYR1):c.13703T>C (p.Leu4568Pro)	6261	RYR1	['TTTTACACCCTGCGGTTCCTTGCCCYCTTCTTGGCATTTGCCATCAACTTC']
2041	NM_000540.2(RYR1):c.13949T>C (p.Leu4650Pro)	6261	RYR1	['CCCGCCCTGCGGTGTCTGAGCCTCCYGCATACACTGGTGGCCTTTCTCTGC']
2042	NM_000540.2(RYR1):c.14378T>C (p.Leu4793Pro)	6261	RYR1	['GTGTGCCCACAGTCCTTCCTGTACCYGGGCTGGTATATGGTGATGTCCCTC']
2043	NM_015896.3(ZMYND10):c.797T>C (p.Leu266Pro)	51364	ZMYND10	['CTCAGGGCTTAGCAGCAGGTTGTACRGGGCGATCCACACTTGCCCGTCCAA']
2044	NM_018127.6(ELAC2):c.460T>C (p.Phe154Leu)	60528	ELAC2	['AAAATACCTCGAAGCAATCAAAATAYTTTCTGGTCCATTGAAAGGAATAGA']
2045	NM_199355.2(ADAMTS18):c.605T>C (p.Leu202Pro)	170692	ADAMTS18	['CCTGCGGGTCACCATCCTCACGTACYGTACAAAAGGACAGCAGAGGAGAAG']
2046	NM_023110.2(FGFR1):c.494T>C (p.Leu165Ser)	2260	FGFR1	['TCCCCAGAAAAGATGGAAAAGAAATYGCATGCAGTGCCGGCTGCCAAGACA']
2047	NM_001059.2(TACR3):c.766T>C (p.Tyr256His)	6870	TACR3	['CCATATTATCGTCATTATACTGGTGYACTGTTTCCCATTGCTCATCATGGG']
2048	NM_002055.4(GFAP):c.1070T>C (p.Leu357Pro)	2670	GFAP	['TACCAGGACCTGCTCAATGTCAAGCHGGCCCTGGACATCGAGATCGCCACC']
2049	NM_002055.4(GFAP):c.1076T>C (p.Leu359Pro)	2670	GFAP	['GACCTGCTCAATGTCAAGCTGGCCCYGGACATCGAGATCGCCACCTACAGG']
2050	NM_002055.4(GFAP):c.1096T>C (p.Tyr366His)	2670	GFAP	['GGCCCTGGACATCGAGATCGCCACCYACAGGAAGCTGCTAGAGGGCGAGGA']
2051	NM_002055.4(GFAP):c.221T>C (p.Met74Thr)	2670	GFAP	['CGGGCCAGTGAGCGGGCAGAGATGAYGGAGCTCAATGACCGCTTTGCCAGC']
2052	NM_002055.4(GFAP):c.247T>C (p.Tyr83His)	2670	GFAP	['GGAGCTCAATGACCGCTTTGCCAGCYACATCGAGAAGGTTCGCTTCCTGGA']
2053	NM_002055.4(GFAP):c.269T>C (p.Leu90Pro)	2670	GFAP	['AGCTACATCGAGAAGGTTCGCTTCCYGGAACAGCAAAACAAGGCGCTGGCT']
2054	NM_002055.4(GFAP):c.290T>C (p.Leu97Pro)	2670	GFAP	['TTCCTGGAACAGCAAAACAAGGCGCYGGCTGCTGAGCTGAACCAGCTGCGG']
2055	NM_002055.4(GFAP):c.302T>C (p.Leu101Pro)	2670	GFAP	['CAAAACAAGGCGCTGGCTGCTGAGCYGAACCAGCTGCGGGCCAAGGAGCCC']
2056	NM_002055.4(GFAP):c.704T>C (p.Leu235Pro)	2670	GFAP	['GCCAAGCCAGACCTCACCGCAGCCCYGAAAGAGATCCGCACGCAGTATGAG']
2057	NM_002055.4(GFAP):c.739T>C (p.Ser247Pro)	2670	GFAP	['CCGCACGCAGTATGAGGCAATGGCGYCCAGCAACATGCATGAAGCCGAAGA']
2058	NM_002055.4(GFAP):c.992T>C (p.Leu331Pro)	2670	GFAP	['AGTTATCAGGAGGCGCTGGCGCGGCYGGAGGAAGAGGGGCAGAGCCTCAAG']
2059	NM_005554.3(KRT6A):c.1406T>C (p.Leu469Pro)	3853	KRT6A	['GAGATCGCCACCTACCGCAAGCTGCBGGAGGGTGAGGAGTGCAGGTGGGTA']
2060	NM_005554.3(KRT6A):c.521T>	3853	KRT6A	['CAGATCAAGACCCTCAACAACAAGTBTGCC

【表６－６５】

	C (p.Phe174Ser)			TCCTTCATCGACAAGGTGAGC']
2061	NM_153490.2(KRT13):c.332T>C (p.Leu111Pro)	3860	KRT13	['AATGAGAAGATCACCATGCAGAACCYCAACGACCGCCTGGCTTCCTACCTG']
2062	NM_170707.3(LMNA):c.1619T>C (p.Met540Thr)	4000	LMNA	['CCATGTCCCCACCAGGAAGTGGCCAYGCGCAAGCTGGTGCGCTCAGTGACT']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1117T>C (p.Ser373Pro)	3784	KCNQ1	[]
2063	NM_000218.2(KCNQ1):c.1135T>C (p.Trp379Arg)	3784	KCNQ1	['TCCCCCTGCCCGACCTCAGACCGCABGGAGGTGCTATGCTGCCGAGAACCC']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1165T>C (p.Ser389Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1174T>C (p.Trp392Arg)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1550T>C (p.Ile517Thr)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1696T>C (p.Ser566Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1805T>C (p.Leu602Pro)	-1	-	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.401T>C (p.Leu134Pro)	3784	KCNQ1	[]
2064	NM_000218.2(KCNQ1):c.550T>C (p.Tyr184His)	3784	KCNQ1	['CTGGTCCGCCGGCTGCCGCAGCAAGBACGTGGGCCTCTGGGGGCGGCTGCG']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.608T>C (p.Leu203Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.625T>C (p.Ser209Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.742T>C (p.Trp248Arg)	3784	KCNQ1	[]
2065	NM_000218.2(KCNQ1):c.749T>C (p.Leu250Pro)	3784	KCNQ1	['GACCGCCAGGGAGGCACCTGGAGGCHCCTGGGCTCCGTGGTCTTCATCCAC']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.829T>C (p.Ser277Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.832T>C (p.Tyr278His)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.845T>C (p.Leu282Pro)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.908T>C (p.Leu303Pro)	3784	KCNQ1	[]
2066	NM_000238.3(KCNH2):c.122T>C (p.Val41Ala)	3757	KCNH2	['AACGCTCGGGTGGAGAACTGCGCCGBCATCTACTGCAACGACGGCTTCTGC']
	NM_000238.3(KCNH2):c.1238T>C (p.Leu413Pro)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1279T	3757	KCNH2	[]

【表６－６６】

	>C (p.Tyr427His)			
	NM_000238.3(KCNH2):c.1387T>C (p.Phe463Leu)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.160T>C (p.Tyr54His)	3757	KCNH2	[]
2067	NM_000238.3(KCNH2):c.1655T>C (p.Leu552Ser)	3757	KCNH2	['GAGTACGGCGCGGCCGTGCTGTTCTYGCTCATGTGCACCTTTGCGCTCATC']
	NM_000238.3(KCNH2):c.1691T>C (p.Leu564Pro)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1700T>C (p.Ile567Thr)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1702T>C (p.Trp568Arg)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1705T>C (p.Tyr569His)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1736T>C (p.Met579Thr)	3757	KCNH2	[]
2068	NM_000238.3(KCNH2):c.1778T>C (p.Ile593Thr)	3757	KCNH2	['TGGCTGCACAACCTGGGCGACCAGANAGGCAAACCCTACAACAGCAGCGGC']
	NM_000238.3(KCNH2):c.1816T>C (p.Ser606Pro)	3757	KCNH2	[]
2069	NM_000238.3(KCNH2):c.1879T>C (p.Phe627Leu)	3757	KCNH2	['CTTCAGCAGCCTCACCAGTGTGGGCHTCGGCAACGTCTCTCCCAACACCAA']
	NM_000238.3(KCNH2):c.1889T>C (p.Val630Ala)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1945T>C (p.Ser649Pro)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1985T>C (p.Ile662Thr)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.202T>C (p.Phe68Leu)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.2033T>C (p.Leu678Pro)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.206T>C (p.Leu69Pro)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.2078T>C (p.Leu693Pro)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.2309T>C (p.Val770Ala)	3757	KCNH2	[]
2070	NM_000238.3(KCNH2):c.2414T>C (p.Phe805Ser)	3757	KCNH2	['TGGCCTCCAGGGAAGAATGACATCTBTGGGGAGCCTCTGAACCTGTATGCA']
	NM_000238.3(KCNH2):c.2452T>C (p.Ser818Pro)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.2573T	3757	KCNH2	[]

【表６－６７】

	>C (p.Ile858Thr)			
2071	NM_000238.3(KCNH2):c.257T>C (p.Leu86Pro)	3757	KCNH2	['GCTGCCGCGCAGATCGCGCAGGCACBGCTGGGCGCCGAGGAGCGCAAAGTG']
	NM_000238.3(KCNH2):c.260T>C (p.Leu87Pro)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.287T>C (p.Ile96Thr)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.3146T>C (p.Leu1049Pro)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.322T>C (p.Cys108Arg)	3757	KCNH2	[]
2072	NM_000238.3(KCNH2):c.371T>C (p.Met124Thr)	3757	KCNH2	['AAGAACGAGGATGGGGCTGTCATCABGTTCATCCTCAATTTCGAGGTGGTG']
	NM_000238.3(KCNH2):c.65T>C (p.Phe22Ser)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.86T>C (p.Phe29Ser)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.872T>C (p.Met291Thr)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.89T>C (p.Ile30Thr)	3757	KCNH2	[]
2073	NM_000238.3(KCNH2):c.92T>C (p.Ile31Thr)	3757	KCNH2	['GCCCCCCTAGGCCGTAAGTTCATCABCGCCAACGCTCGGGTGGAGAACTGC']
	NM_000891.2(KCNJ2):c.301T>C (p.Cys101Arg)	3759	KCNJ2	[]
	NM_000891.2(KCNJ2):c.650T>C (p.Leu217Pro)	3759	KCNJ2	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.1187T>C (p.Val396Ala)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.1190T>C (p.Ile397Thr)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.2018T>C (p.Leu673Pro)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.2516T>C (p.Leu839Pro)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.2551T>C (p.Phe851Leu)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.2743T>C (p.Cys915Arg)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.2783T>C (p.Leu928Pro)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.278T>C (p.Phe93Ser)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.2804T	6331	SCN5A	[]

【表６－６８】

	>C (p.Leu935Pro)			
2074	NM_000335.4(SCN5A):c.2944T>C (p.Cys982Arg)	6331	SCN5A	['CAAGCGGACCACCTGGGATTTCTGCYGTGGTCTCCTGCGGCAGCGGCCTCA']
2075	NM_198056.2(SCN5A):c.3010T>C (p.Cys1004Arg)	6331	SCN5A	['TGCCGCCCAGGGCCAGCTGCCCAGCYGCATTGCCACCCCCTACTCCCCGCC']
2076	NM_000335.4(SCN5A):c.3679T>C (p.Tyr1227His)	6331	SCN5A	['TTGTCTGCAGGCCTTCGAGGACATCYACCTAGAGGAGCGGAAGACCATCAA']
	NM_000335.4(SCN5A):c.3713T>C (p.Leu1238Pro)	6331	SCN5A	[]
2077	NM_000335.4(SCN5A):c.3745T>C (p.Phe1249Leu)	6331	SCN5A	['TGCCGACAAGATGTTCACATATGTCYTCGTGCTGGAGATGCTGCTCAAGTG']
	NM_000335.4(SCN5A):c.3929T>C (p.Leu1310Pro)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4027T>C (p.Phe1343Leu)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4028T>C (p.Phe1343Ser)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4034T>C (p.Leu1345Pro)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4046T>C (p.Ile1349Thr)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.407T>C (p.Leu136Pro)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4340T>C (p.Ile1447Thr)	6331	SCN5A	[]
2078	NM_000335.4(SCN5A):c.4415T>C (p.Phe1472Ser)	6331	SCN5A	['TTTATTGGTGTCATCATTGACAACTBCAACCAACAGAAGAAAAAGATACGT']
	NM_000335.4(SCN5A):c.4453T>C (p.Phe1485Leu)	6331	SCN5A	[]
	NM_198056.2(SCN5A):c.4493T>C (p.Met1498Thr)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4742T>C (p.Leu1581Pro)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4778T>C (p.Phe1593Ser)	6331	SCN5A	[]
2079	NM_000335.4(SCN5A):c.4952T>C (p.Met1651Thr)	6331	SCN5A	['CGCACGCTGCTCTTTGCCCTCATGABGTCCCTGCCTGCCCTCTTCAACATC']
	NM_000335.4(SCN5A):c.5111T>C (p.Phe1704Ser)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.5179T>C (p.Cys1727Arg)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.544T>C (p.Cys182Arg)	6331	SCN5A	[]
2080	NM_000335.4(SCN5A):c.5471T	6331	SCN5A	['TTTGCCGATGCCCTGTCTGAGCCACYCCGTA

【表６－６９】

	>C (p.Leu1824Pro)			TCGCCAAGCCCAACCAGATA']
2081	NM_198056.2(SCN5A):c.5624T>C (p.Met1875Thr)	6331	SCN5A	['GAGATGGACGCCCTGAAGATCCAGAHGGAGGAGAAGTTCATGGCAGCCAAC']
2082	NM_000335.4(SCN5A):c.635T>C (p.Leu212Pro)	6331	SCN5A	['AGATACACAACTGAATTTGTGGACCHGGGCAATGTCTCAGCCTTACGCACC']
	NM_000335.4(SCN5A):c.689T>C (p.Ile230Thr)	6331	SCN5A	[]
	NM_198056.2(SCN5A):c.944T>C (p.Leu315Pro)	6331	SCN5A	[]
2083	NM_177976.2(ARL6):c.272T>C (p.Ile91Thr)	84100	ARL6	['TTACACAGAGAAGGCCAAGCTATTAYTTTTGTCATTGATAGTAGTGATAGA']
2084	NM_000487.5(ARSA):c.899T>C (p.Leu300Ser)	410	ARSA	['TCCCGAGGCGGCTGCTCCGGTCTCTYGCGGTGTGGAAAGGGAACGACCTAC']
2085	NM_000267.3(NF1):c.1595T>C (p.Leu532Pro)	4763	NF1	['GAATTAATTACAGGGCTCGTCCAACYGGTCCCTCAGTCACACATGCCAGAG']
2086	NM_001042492.2(NF1):c.2288T>C (p.Leu763Pro)	4763	NF1	['CTTCAGAAAAGAGTGATGGCACTGCBGAGGCGCATTGAGCATCCCACTGCA']
2087	NM_004990.3(MARS):c.1108T>C (p.Phe370Leu)	4141	MARS	['CCTCACCAGAATCACCCAGGACATTYTCCAGCAGTTGCTGAAACGAGGTTT']
2088	NM_004990.3(MARS):c.1568T>C (p.Ile523Thr)	4141	MARS	['TTCTATGTCTGGTTTGATGCCACTAYTGGCTATCTGTCCATCACAGCCAAC']
2089	NM_006920.4(SCN1A):c.4729T>C (p.Cys1577Arg)	-1	-	['GTTCATTGTGCTATTTACTGGAGAGYGTGTACTGAAACTCATCTCTCTACG']
2090	NM_006920.4(SCN1A):c.5113T>C (p.Cys1705Arg)	-1	-	['TGAGACCTTTGGCAACAGCATGATCYGCCTATTCCAAATTACAACCTCTGC']
2091	NM_006920.4(SCN1A):c.838T>C (p.Trp280Arg)	6323	SCN1A	['CAACCTGAGGAATAAATGTATACAAYGGCCTCCCACCAATGCTTCCTTGGA']
2092	NM_006920.4(SCN1A):c.269T>C (p.Phe90Ser)	6323	SCN1A	['TGTTGTGTTCCTGTCTTACAGACTTYTATAGTATTGAATAAAGGGAAGGCC']
2093	NM_006920.4(SCN1A):c.272T>C (p.Ile91Thr)	6323	SCN1A	['TGTGTTCCTGTCTTACAGACTTTTAYAGTATTGAATAAAGGGAAGGCCATC']
2094	NM_006920.4(SCN1A):c.3827T>C (p.Leu1276Pro)	-1	-	['TATTTCACCAATGCCTGGTGTTGGCYGGACTTCTTAATTGTTGATGTAGGT']
2095	NM_006920.4(SCN1A):c.5522T>C (p.Met1841Thr)	-1	-	['CCAAACAAACTCCAGCTCATTGCCAYGGATTTGCCCATGGTGAGTGGTGAC']
2096	NM_006920.4(SCN1A):c.568T>C (p.Trp190Arg)	6323	SCN1A	['AGATTTTACTTTCCTTCGGGATCCAYGGAACTGGCTCGATTTCACTGTCAT']
2097	NM_002608.2(PDGFB):c.356T>C (p.Leu119Pro)	5155	PDGFB	['ATAGACCGCACCAACGCCAACTTCCYGGTGTGGCCGCCCTGTGTGGAGGTG']
2098	NM_000833.4(GRIN2A):c.2T>C (p.Met1Thr)	2903	GRIN2A	['TTGCAGGGACCGTCAGTGGCGACTAYGGGCAGAGTGGGCTATTGGACCCTG']
2099	NM_002474.2(MYH11):c.3791T>C (p.Leu1264Pro)	4629	MYH11	['CTCCCCATCGCTGCACTTGGACTGCDGCTCCTGCACCTGCGCCTCCAGCTT']
2100	NM_014139.2(SCN11A):c.2432	11280	SCN11A	['CTCAACCTCTTCATTGCCTTACTGCYCAATT

【表６－７０】

	T>C (p.Leu811Pro)			CCTTTAGCAATGAGGAAAGA']
2101	NM_006514.3(SCN10A):c.1661 T>C (p.Leu554Pro)	6336	SCN10A	['GGAGTCAGGGTTGCTGGGTTGAGGARGAGG GCTTCTAGGGAGGGGGCCTTG']
2102	NM_000179.2(MSH6):c.1346T> C (p.Leu449Pro)	2956	MSH6	['CTTATTGGAGTCAGTGAACTGGGGCYGGTAT TCATGAAAGGCAACTGGGCC']
2103	NM_000179.2(MSH6):c.4001+2 T>C	2956	MSH6	['GAATCAGTCACTACGATTATTTCGGYAACTA ACTAACTATAATGGAATTAT']
2104	NM_000249.3(MLH1):c.1745T> C (p.Leu582Pro)	4292	MLH1	['GCTTCTTCCTAGGAGCCAGCACCGCYCTTTG ACCTTGCCATGCTTGCCTTA']
2105	NM_000249.3(MLH1):c.2246T> C (p.Leu749Pro)	4292	MLH1	['CTGCAGCTTGCTAACCTGCCTGATCHATACA AAGTCTTTGAGAGGTGTTAA']
2106	NM_000249.3(MLH1):c.229T>C (p.Cys77Arg)	4292	MLH1	['ACAGAAAGAAGATCTGGATATTGTAYGTGA AAGGTTCACTACTAGTAAACT']
2107	NM_000249.3(MLH1):c.453+2T >C	4292	MLH1	['GGCAATCAAGGGACCCAGATCACGGYAAGA ATGGTACATGGGAGAGTAAAT']
2108	NM_000249.3(MLH1):c.739T>C (p.Ser247Pro)	4292	MLH1	['AGCCTTCAAAATGAATGGTTACATABCCAAT GCAAACTACTCAGTGAAGAA']
2109	NM_000249.3(MLH1):c.790+2T >C	4292	MLH1	['GCATCTTCTTACTCTTCATCAACCGHAAGTT AAAAAGAACCACATGGGAAA']
2110	NM_000251.2(MSH2):c.1319T> C (p.Leu440Pro)	4436	MSH2	['TTGTTGGCAGTTTTTGTGACTCCTCYTACTG ATCTTCGTTCTGACTTCTCC']
2111	NM_000251.2(MSH2):c.2005+2 T>C	4436	MSH2	['AACAGATGTTCCACATCATTACTGGYAAAA AACCTGGTTTTTGGGCTTTGT']
2112	NM_000251.2(MSH2):c.2089T> C (p.Cys697Arg)	4436	MSH2	['GGCCCAAATTGGGTGTTTTGTGCCAYGTGAG TCAGCAGAAGTGTCCATTGT']
2113	NM_000251.2(MSH2):c.560T>C (p.Leu187Pro)	4436	MSH2	['CCTGATAATGATCAGTTCTCCAATCBTGAGG CTCTCCTCATCCAGATTGGA']
2114	NM_000251.2(MSH2):c.595T>C (p.Cys199Arg)	4436	MSH2	['CCTCATCCAGATTGGACCAAAGGAAYGTGT TTTACCCGGAGGAGAGACTGC']
2115	NM_000251.2(MSH2):c.929T>C (p.Leu310Pro)	4436	MSH2	['TTGGATATTGCAGCAGTCAGAGCCCBTAACC TTTTTCAGGTAAAAAAAAAA']
2116	NM_007294.3(BRCA1):c.134+2 T>C	672	BRCA1	['AAAGTGTGACCACATATTTTGCAAGBAAGTT TGAATGTGTTATGTGGCTCC']
2117	NM_001194998.1(CEP152):c.31 49T>C (p.Leu1050Pro)	22995	CEP152	['TATGAGGAAGACATCCTGACTGTACYTGGG GTTCTTTTAAGTGATACCCAA']
2118	NM_001271723.1(FBXO38):c.6 16T>C (p.Cys206Arg)	81545	FBXO38	['AGGGGTGAATGTTCCTGAAATTCCTYGTATC CCAATGCTAAGGCACCTTTA']
2119	NM_014495.3(ANGPTL3):c.883 T>C (p.Phe295Leu)	-1	-	['ACATCGAATAGATGGATCACAAAACYTCAA TGAAACGTGGGAGAACTACAA']
2120	NM_003184.3(TAF2):c.1945T> C (p.Trp649Arg)	6873	TAF2	['CTCTCATAGCGGAGCTGATACTGCCRCATAA AATCAGCTTGCTCAAATTCT']
2121	NM_000016.5(ACADM):c.233T >C (p.Ile78Thr)	34	ACADM	['TTCTTCTAGTATCCAGTCCCCCTAAYTAGAA GAGCCTGGGAACTTGGTTTA']
2122	NM_000019.3(ACAT1):c.730+2	38	ACAT1	['TTCCTGTCACAGTTACAGTAAAAGGYAGAG

【表６－７１】

	T>C			ATAATGTTCCAAAAAGGATGA']
2123	NM_000143.3(FH):c.1255T>C (p.Ser419Pro)	2271	FH	['GAAGCATCCCCCAGCAGCCTGGCTGRGTGT AACACATTTTTAATCTTTGAG']
2124	NM_000169.2(GLA):c.899T>C (p.Leu300Pro)	-1	-	['GCTCCTTTATTCATGTCTAATGACCYCCGAC ACATCAGCCCTCAAGCCAAA']
2125	NM_000202.6(IDS):c.587T>C (p.Leu196Ser)	3423	IDS	['GTGCTGGATGTTCCCGAGGGCACCTYGCCTG ACAAACAGAGCACTGAGCAA']
2126	NM_000252.2(MTM1):c.688T>C (p.Trp230Arg)	4534	MTM1	['TCTGACTTAACCATAGGTGCTGTCAYGGATT CATCCAGAAAATAAGACGGT']
2127	NM_000277.1(PAH):c.638T>C (p.Leu213Pro)	5053	PAH	['GAGTACAATCACATTTTTCCACTTCYTGAAA AGTACTGTGGCTTCCATGAA']
2128	NM_000404.2(GLB1):c.457+2T>C	2720	GLB1	['TTCTTCTCCGCTCCTCCGACCCAGGYAGGTT GTTACAGATGTCTTGAGAAG']
2129	NM_000528.3(MAN2B1):c.2436+2T>C	4125	MAN2B1	['AGAGATGGCTCGCTGGAGCTCATGGYGAGT GGGTCAGAGCCCCATCCGAGC']
2130	NM_000531.5(OTC):c.540+2T>C	5009	OTC	['CTGGCTGATTACCTCACGCTCCAGGHTGGTT TATTTATTTGTCTTACAAAA']
2131	NM_001005741.2(GBA):c.667T>C (p.Trp223Arg)	2629	GBA	['TTCACCGCTCCATTGGTCTTGAGCCRAGTGG GTGATGTCCAGGGGCTGGCA']
2132	NM_000402.4(G6PD):c.473T>C (p.Leu158Pro)	2539	G6PD	['CGCCTCAACAGCCACATGAATGCCCYCCAC CTGGGGTCACAGGCCAACCGC']
2133	NM_000402.4(G6PD):c.188T>C (p.Ile63Thr)	-1	-	['CACCGATGCACCCATGATGATGAATRTGTGT GTATCCGACTGATGGAAGGC']
2134	NM_006920.4(SCN1A):c.4251+2T>C	-1	-	['GGGTATCTCTCTTTGCTTCAAGTTGYAAGTG AACACTATTTTCTCTGAATA']
2135	NM_002225.3(IVD):c.465+2T>C	3712	IVD	['CAGAAAGAGAAGTATCTCCCGAAGGYGAGG AAATGGAAATGTAATACACGC']
2136	NM_003494.3(DYSF):c.1284+2T>C	8291	DYSF	['GAGGTCAGCTTTGCGGGGAAAATGGYAAGG AGCAAGGGAGCAGGAGGGTTC']
2137	NM_004006.2(DMD):c.2380+2T>C	1756	DMD	['CCCTGGTGGAACAGATGGTGAATGGYAATT ACACGAGTTGATTTAGATAAT']
2138	NM_012463.3(ATP6V0A2):c.825+2T>C	23545	ATP6V0A2	['ACCCGCATCCAGGATCTCTACACTGYGAGTA AGCTGGAAGTGGATTGCCTC']
2139	NM_014795.3(ZEB2):c.73+2T>C	9839	ZEB2	['AAGCCAATCCCAGGAGGAAAAACGGYAAG AAGCAGCCCGAACCAAACTTTT']
2140	NM_016725.2(FOLR1):c.493+2T>C	2348	FOLR1	['ACAAGGGCTGGAACTGGACTTCAGGYGAGG GCTGGGGTGGGCAGGAATGGA']
2141	NM_000056.3(BCKDHB):c.752T>C (p.Val251Ala)	594	BCKDHB	['CCTGTTCTGTATTTAGCGGAAGAAGYCCCTA TAGAACCATACAACATCCCA']
2142	NM_175053.3(KRT74):c.821T>C (p.Phe274Ser)	121391	KRT74	['TACTGCATCATACAGACACTTGAGGRACTTG ATTTCTTTGTCCAGTGAGTC']
2143	NM_003764.3(STX11):c.173T>C (p.Leu58Pro)	8676	STX11	['GACATTCAGGATGAAAACCAGCTGCYGGTG GCCGACGTGAAGCGGCTGGGA']
2144	NM_001044.4(SLC6A3):c.671T	6531	SLC6A3	['CTCTGCAGACGTGGCGTGCTGCACCYCCACC

【表６－７２】

	>C (p.Leu224Pro)			AGAGCCATGGCATCGACGAC']
2145	NM_015662.2(IFT172):c.5179T >C (p.Cys1727Arg)	-1	-	['CTGATGAATTTCAGCACGTCCTGGCRCACTG GGCTGTGGGAGGTCTGTGAG']
2146	NM_015662.2(IFT172):c.4607T >C (p.Leu1536Pro)	26160	IFT172	['GCGCGTGGCATAGTAATGAGCGATCRGCAG CATCGTCTTGAACTCCTCATG']
2147	NM_014754.2(PTDSS1):c.794T >C (p.Leu265Pro)	9791	PTDSS1	['ACCGGGAAGATCAAGAGAGCTGTTCYGCAG TTCACTCCTGCTAGCTGGACC']
2148	NM_014714.3(IFT140):c.4078T >C (p.Cys1360Arg)	9742	IFT140	['GGACCCCAAGGAGTCCATCAAGCAGYGTGA GCTGCTCCTGGAGGAACCAGA']
2149	NM_000531.5(OTC):c.1005+2T >C	5009	OTC	['GAAAACAGAAAGTGGACAATCATGGYAAGC AAGAAACAAGGAATGGAGGAT']
2150	NM_000531.5(OTC):c.1018T>C (p.Ser340Pro)	5009	OTC	['GTTGTGTCATCAGGCTGTCATGGTGYCCCTG CTGACAGATTACTCACCTCA']
2151	NM_000531.5(OTC):c.1022T>C (p.Leu341Pro)	5009	OTC	['TGTCATCAGGCTGTCATGGTGTCCCYGCTGA CAGATTACTCACCTCAGCTC']
2152	NM_000531.5(OTC):c.1033T>C (p.Tyr345His)	5009	OTC	['TGTCATGGTGTCCCTGCTGACAGATBACTCA CCTCAGCTCCAGAAGCCTAA']
2153	NM_000531.5(OTC):c.143T>C (p.Phe48Ser)	5009	OTC	['CGTGACCTTCTCACTCTAAAAAACTYTACCG GAGAAGAAATTAAATATATG']
2154	NM_000531.5(OTC):c.158T>C (p.Ile53Thr)	5009	OTC	['CTAAAAAACTTTACCGGAGAAGAAABTAAA TATATGCTATGGCTATCAGCA']
2155	NM_000531.5(OTC):c.167T>C (p.Met56Thr)	5009	OTC	['TTTACCGGAGAAGAAATTAAATATAYGCTA TGGCTATCAGCAGATCTGAAA']
2156	NM_000531.5(OTC):c.188T>C (p.Leu63Pro)	5009	OTC	['TATATGCTATGGCTATCAGCAGATCYGAAAT TTAGGATAAAACAGAAAGGA']
2157	NM_000531.5(OTC):c.227T>C (p.Leu76Ser)	5009	OTC	['GTCCTTGATTTATAGTATTTGCCTTYATTGCA AGGGAAGTCCTTAGGCATG']
2158	NM_000531.5(OTC):c.284T>C (p.Leu95Ser)	5009	OTC	['GAGAAAAGAAGTACTCGAACAAGATYGTCT ACAGAAACAGGTAAGTCCACT']
2159	NM_000531.5(OTC):c.2T>C (p.Met1Thr)	5009	OTC	['CGTCCTTTACACAATTAAAAGAAGAYGCTGT TTAATCTGAGGATCCTGTTA']
2160	NM_000531.5(OTC):c.386+2T> C	5009	OTC	['TGAAAGTCTCACGGACACGGCCCGGYTTGT AAATATTTTCTTCTCTCCAAA']
2161	NM_000531.5(OTC):c.392T>C (p.Leu131Ser)	5009	OTC	['TTTTTCTTGGTTTGCCACAGTGTATYGTCTAG CATGGCAGATGCAGTATTG']
2162	NM_000531.5(OTC):c.394T>C (p.Ser132Pro)	5009	OTC	['TTTCTTGGTTTGCCACAGTGTATTGYCTAGC ATGGCAGATGCAGTATTGGC']
2163	NM_000531.5(OTC):c.416T>C (p.Leu139Ser)	5009	OTC	['TTGTCTAGCATGGCAGATGCAGTATYGGCTC GAGTGTATAAACAATCAGAT']
2164	NM_000531.5(OTC):c.443T>C (p.Leu148Ser)	5009	OTC	['GCTCGAGTGTATAAACAATCAGATTBGGAC ACCCTGGCTAAAGAAGCATCC']
2165	NM_000531.5(OTC):c.476T>C (p.Ile159Thr)	5009	OTC	['CTGGCTAAAGAAGCATCCATCCCAAYTATC AATGGGCTGTCAGATTTGTAC']
2166	NM_000531.5(OTC):c.479T>C	5009	OTC	['GCTAAAGAAGCATCCATCCCAATTANCAAT

【表６－７３】

	(p.Ile160Thr)			GGGCTGTCAGATTTGTACCAT']
2167	NM_000531.5(OTC):c.490T>C (p.Ser164Pro)	5009	OTC	['ATCCATCCCAATTATCAATGGGCTGYCAGAT TTGTACCATCCTATCCAGAT']
2168	NM_000531.5(OTC):c.526T>C (p.Tyr176His)	5009	OTC	['CCATCCTATCCAGATCCTGGCTGATYACCTC ACGCTCCAGGTTGGTTTATT']
2169	NM_000531.5(OTC):c.536T>C (p.Leu179Pro)	5009	OTC	['CAGATCCTGGCTGATTACCTCACGCYCCAGG TTGGTTTATTTATTTGTCTT']
2170	NM_000531.5(OTC):c.577T>C (p.Trp193Arg)	5009	OTC	['CTCTCTGAAAGGTCTTACCCTCAGCBGGATC GGGGATGGGAACAATATCCT']
2171	NM_000531.5(OTC):c.602T>C (p.Leu201Pro)	5009	OTC	['TGGATCGGGGATGGGAACAATATCCYGCAC TCCATCATGATGAGCGCAGCG']
2172	NM_000531.5(OTC):c.663+2T>C	5009	OTC	['CACCTTCAGGCAGCTACTCCAAAGGYAGGG AAACTTTTTGCCTTGAAACTA']
2173	NM_000531.5(OTC):c.779T>C (p.Leu260Ser)	5009	OTC	['GAAGCAGCGCATGGAGGCAATGTATYAATT ACAGACACTTGGATAAGCATG']
2174	NM_000531.5(OTC):c.793T>C (p.Trp265Arg)	5009	OTC	['AGGCAATGTATTAATTACAGACACTYGGAT AAGCATGGGACAAGAAGAGGA']
2175	NM_000531.5(OTC):c.803T>C (p.Met268Thr)	5009	OTC	['TTAATTACAGACACTTGGATAAGCAYGGGA CAAGAAGAGGAGAAGAAAAAG']
2176	NM_000531.5(OTC):c.907T>C (p.Cys303Arg)	5009	OTC	['TGCCTCTGACTGGACATTTTTACACBGCTTG CCCAGAAAGCCAGAAGAAGT']
2177	NM_000531.5(OTC):c.947T>C (p.Phe316Ser)	5009	OTC	['CCAGAAGAAGTGGATGATGAAGTCTYTTAT TCTCCTCGATCACTAGTGTTC']
2178	NM_000322.4(PRPH2):c.637T>C (p.Cys213Arg)	5961	PRPH2	['CCTGGTGGACGGCGTCCCTTTCAGCYGCTGC AATCCTAGCTCGCCACGGCC']
2179	NM_000322.4(PRPH2):c.736T>C (p.Trp246Arg)	5961	PRPH2	['CCACCAGACGGAGGAGCTCAACCTGYGGGT GCGTGGCTGCAGGGCTGCCCT']
	NM_017415.2(KLHL3):c.1160T>C (p.Leu387Pro)	26249	KLHL3	[]
	NM_017415.2(KLHL3):c.1280T>C (p.Met427Thr)	26249	KLHL3	[]
2180	NM_003859.1(DPM1):c.742T>C (p.Ser248Pro)	-1	-	['AGAGTCAATAATCCTTTCAAGAAAGRTACTA TTTCATTTCCTCCCAACTTG']
2181	NM_004826.3(ECEL1):c.2278T>C (p.Cys760Arg)	9427	ECEL1	['GGGTTCATGGGTGAGTCCTTGGGACRGTGG AAAGCCCGGCCAAACTCCTCA']
2182	NM_014908.3(DOLK):c.2T>C (p.Met1Thr)	22845	DOLK	['GGCCGGAGATGGGCACTCTCGGGTCRTATCT CTAGACCTGGGGCTTCACGG']
2183	NM_000404.2(GLB1):c.922T>C (p.Phe308Leu)	2720	GLB1	['TCTTTTGTTTCCTTGTAGGTACATGYTTATAG GTGGGACCAATTTTGCCTA']
2184	NM_012434.4(SLC17A5):c.500T>C (p.Leu167Pro)	26503	SLC17A5	['TTAGGAGTTGGACCACTCATTGTACYCAGAG CACTAGAAGGACTAGGAGAG']
2185	NM_000211.4(ITGB2):c.1877+2T>C	3689	ITGB2	['CCCCTCACCCTGTGGCAAGTACATGYGAGTG CAGGCGGAGCAGGCAGGGCG']
2186	NM_006702.4(PNPLA6):c.3053	10908	PNPLA6	['ACCTCCATGTTCACTGGGTCTGCCTYTAACC

【表６－７４】

	T>C (p.Phe1018Ser)			GCAGCATCCATCGGGTCTTC']
2187	NM_176787.4(PIGN):c.808T>C (p.Ser270Pro)	23556	PIGN	['TCTGAAGGATGACCAGCCCCATGGGRACCT ACAAATAAGATATAAAGAATA']
2188	NM_001165899.1(PDE4D):c.1850T>C (p.Ile617Thr)	5144	PDE4D	['CCATGTCTCCCAGAGGGGATGAACARTATA GTCTATGAAGCCCACCTAGTT']
2189	NM_005017.3(PCYT1A):c.571T>C (p.Phe191Leu)	5130	PCYT1A	['CCTTCTGTCCTCTGTGTTGGAGCAARCATGC CTAACTCAGAAACACATACA']
2190	NM_000090.3(COL3A1):c.951+6T>C (p.Gly300_Ala317del)	1281	COL3A1	['CAGGACTTCCTGGGGCTGCAGTGAGHATAG CTGCTAACATCACACAATTAC']
2191	NM_000090.3(COL3A1):c.2022+2T>C (p.Gly660_Lys674del)	1281	COL3A1	['GCACCTGGAGCTCCAGGAGGCAAGGYAGTA TTTCAATTTATTCTCTACCTT']
2192	NM_000090.3(COL3A1):c.951+2T>C (p.Gly300_Ala317del)	1281	COL3A1	['CGGCCAGGACTTCCTGGGGCTGCAGHGAGT ATAGCTGCTAACATCACACAA']
2193	NM_000090.3(COL3A1):c.3093+2T>C (p.Gly1014_Lys1031del)	1281	COL3A1	['CGAGATGGATCTCCTGGTGGCAAGGBATAA TAAACACATGTGCAATTGATT']
2194	NM_000090.3(COL3A1):c.2337+2T>C (p.Gly762_Lys779del)	1281	COL3A1	['CCAGCTGGCCAGCCTGGAGATAAGGYAACC CTTAATACTACCTGGATATAA']
2195	NM_000090.3(COL3A1):c.1761+2T>C (p.Gly555_Asp587del)	1281	COL3A1	['TTCCCCGGTCCTAAAGGAAATGATGBGAGTT CCTTCATTAATTTCTTCAAT']
2196	NM_000090.3(COL3A1):c.3039+6T>C (p.Asp1013_Gly1014insVSSSFYSTSQ)	1281	COL3A1	['CTGGTGAACCTGGAAGAGATGTGAGYAGCA GTTTTTATTCAACCAGCCAGG']
2197	NM_000090.3(COL3A1):c.4399T>C (p.Ter1467Gln)	1281	COL3A1	['GGACGTTGGCCCTGTTTGCTTTTTAYAAACC AAACTCTATCTGAAATCCCA']
2198	NM_000090.3(COL3A1):c.2553+2T>C (p.Gly816_Ala851del)	1281	COL3A1	['CCCCCTGGAGGTTCTGGACCTGCTGYAAGTT CCTTCCTCTTTCTCTGTCTA']
2199	NM_001278503.1(STT3A):c.1877T>C (p.Val626Ala)	3703	STT3A	['TATACTCCAACTGGGGAGTTCCGTGYGGACC GTGAAGGTTCTCCAGTGCTG']
2200	NM_000277.1(PAH):c.691T>C (p.Ser231Pro)	5053	PAH	['TAACATTCCCCAGCTGGAAGACGTTYCTCAG TTCCTGCAGAGTAAGTCCAC']
2201	NM_007294.3(BRCA1):c.5467+2T>C	672	BRCA1	['GGACAGAGGACAATGGCTTCCATGGBAAGG TGCCTGCATGTACCTGTGCTA']
2202	NM_020347.3(LZTFL1):c.260T>C (p.Leu87Pro)	54585	LZTFL1	['ATACCACTTCTCAGCTTGTGCAAACRGCTGT CGCAGAAGTAACACATTGGT']
2203	NM_016381.5(TREX1):c.530T>C (p.Val177Ala)	11277	TREX1	['CGCCAGCCACAGCCCTGGTGCCTGGYGGCA CACAATGGTGACCGCTACGAC']
2204	NM_015474.3(SAMHD1):c.1106T>C (p.Leu369Ser)	25939	SAMHD1	['TTTGTGTTGATAAGCTCTACGGTGTRAAGAG TTGCGAGTGTGGAACATGTC']
2205	NM_005654.5(NR2F1):c.755T>C (p.Leu252Pro)	7025	NR2F1	['CAGATCACCGACCAGGTGTCCCTGCYACGC CTCACCTGGAGCGAGCTGTTC']
2206	NM_003638.2(ITGA8):c.2982+2T>C	8516	ITGA8	['TGCCTATATATATTTAAAGATACTCRCTACT ATGCTTCCTTCTGGGAGTTT']
2207	NM_000321.2(RB1):c.2663+2T>	5925	RB1	['AGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGGYAGG

【表６－７５】

	C			AACCAGTTTTGAATGTTTTCCA']
2208	NM_000321.2(RB1):c.1472T>C (p.Leu491Pro)	5925	RB1	['CATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCYTGAGG TTGTAATGGCCACATATAGC']
2209	NM_015884.3(MBTPS2):c.1391 T>C (p.Phe464Ser)	51360	MBTPS2	['GCTATTGTTAATGCAGTACCCTGCTYTGCTT TGGATGGACAATGGATTCTA']
2210	NM_001739.1(CA5A):c.697T>C (p.Ser233Pro)	763	CA5A	['TCGGTCAGCGGCGGGGTGGTGAGCGRGCCC GCGTAGGTCCAGTAATCCCAG']
2211	NM_005051.2(QARS):c.169T>C (p.Tyr57His)	5859	QARS	['TCCCTGAGTCGGGAGGCCAAGCCATRTAAC AGGATCCCGGTAGCTTTGTCA']
2212	NM_005356.4(LCK):c.1022T>C (p.Leu341Pro)	3932	LCK	['GGCATCAAGTTGACCATCAACAAACYCCTG GACATGGCAGCCCAAGTAAGG']
2213	NM_021803.3(IL21):c.146T>C (p.Leu49Pro)	59067	IL21	['TACCAAGTCATTCACATAATTTTTCRGCTGA TCAACAATATCTATAAGTTG']
2214	NM_005861.3(STUB1):c.719T> C (p.Met240Thr)	-1	-	['TGTGGCAAGATCAGCTTTGAGCTGAYGCGG GAGCCGTGCATCACGCCCAGT']
2215	NM_032575.2(GLIS2):c.523T>C (p.Cys175Arg)	84662	GLIS2	['TCAGAACACTTCCCATCCTCCGCAGYGTAAC CAGCTCTTTGAGCTCCTGCA']
2216	NM_001101.3(ACTB):c.224T>C (p.Ile75Thr)	60	ACTB	['CTGAAGTACCCCATCGAGCACGGCAYCGTC ACCAACTGGGACGACATGGAG']
2217	NM_001101.3(ACTB):c.356T>C (p.Met119Thr)	60	ACTB	['AACCCCAAGGCCAACCGCGAGAAGAYGACC CAGGTGAGTGGCCCGCTACCT']
2218	NM_003401.3(XRCC4):c.127T> C (p.Trp43Arg)	7518	XRCC4	['TACACTTACTGATGGTCATTCAGCAYGGACT GGGACAGGTAATACTAAAAA']
2219	NM_000051.3(ATM):c.2638+2T >C	472	ATM	['CTGGAGAGAGCCAAAGTACCATAGGYAAAT ACATATTTACTACTTGGGATT']
2220	NM_000535.5(PMS2):c.2T>C (p.Met1Thr)	5395	PMS2	['CGAGGCGGATCGGGTGTTGCATCCAHGGAG CGAGCTGAGAGCTCGAGGTGA']
2221	NM_015713.4(RRM2B):c.190T> C (p.Trp64Arg)	50484	RRM2B	['ATGCCACGTACCTCTTCTGCTGTCCRGAAGG AAGCCTGTGCCTGTTTATAC']
2222	NM_015713.4(RRM2B):c.368T> C (p.Phe123Ser)	50484	RRM2B	['CTCGATGAGAATTTGAAAGCCATAGRAACA GCGAGCCTCTGGAACCTGCAC']
2223	NM_003122.4(SPINK1):c.194+2 T>C	6690	SPINK1	['TTAAAAGAAACTCAAGTTTGTACTCRCCGAT TTTCAAAACATAACACGCAT']
2224	NM_003122.4(SPINK1):c.160T> C (p.Tyr54His)	6690	SPINK1	['AAACATAACACGCATTCATTGGGATRAGTAT TTCCATCAGTCCCACAGACA']
	NM_000219.5(KCNE1):c.158T> C (p.Phe53Ser)	3753	KCNE1	[]
2225	NM_000219.5(KCNE1):c.176T> C (p.Leu59Pro)	3753	KCNE1	['GCGGATGTAGCTCAGCATGATGCCCRGGGT GAAGAAGCCGAAGAATCCCAG']
	NM_000219.5(KCNE1):c.259T> C (p.Trp87Arg)	3753	KCNE1	[]
2226	NM_017890.4(VPS13B):c.11119 +2T>C	157680	VPS13B	['CGTTTGTAAAGCACATCTCCAAAGGYAGCG GGTTCCGTTCCTTGTAATAAT']
2227	NM_005026.3(PIK3CD):c.1246T	5293	PIK3CD	['CACCTGCCCTGTCCTTCTGCAGGACYGCCCC

【表６－７６】

	>C (p.Cys416Arg)			ATTGCCTGGGCCAACCTCAT']
2228	NM_000271.4(NPC1):c.2054T>C (p.Ile685Thr)	4864	NPC1	['TACATTGGGTTGCCCTTGACCCTCAYTGTGATTGAAGTCATCCCGTTCCTG']
2229	NM_002633.2(PGM1):c.1547T>C (p.Leu516Pro)	5236	PGM1	['GGGAGTGCCGGGGCCACCATTCGGCYGTACATCGATAGCTATGAGAAGGAC']
2230	NM_015599.2(PGM3):c.248T>C (p.Leu83Ser)	5238	PGM3	['TTGGTTGATCCTTTGGGTGAAATGTYGGCACCATCCTGGGAGGAACATGCC']
2231	NM_002136.2(HNRNPA1):c.817T>C (p.Phe273Leu)	3178	HNRNPA1	['GAATTACAACAATCAGTCTTCAAATBTTGGACCCATGAAGGGAGGAAATTT']
2232	NM_002136.2(HNRNPA1):c.841T>C (p.Phe281Leu)	3178	HNRNPA1	['TTTTGGACCCATGAAGGGAGGAAATYTTGGAGGCAGAAGCTCTGGCCCCTA']
2233	NM_001159287.1(TPI1):c.833T>C (p.Phe278Ser)	7167	TPI1	['GGTGGTGCTTCCCTCAAGCCCGAATYCGTGGACATCATCAATGCCAAACAA']
2234	NM_130838.1(UBE3A):c.2T>C (p.Met1Thr)	7337	UBE3A	['TCTGACGACATTGAAGCTAGCCGAAYGTAAGTGTAACTTGGTTGAGACTGT']
2235	NM_130838.1(UBE3A):c.710T>C (p.Leu237Pro)	7337	UBE3A	['ATTGAAACTGCCTTTCTCAATGCACHTGTATATTTGTCACCTAACGTGGAA']
2236	NM_000414.3(HSD17B4):c.1547T>C (p.Ile516Thr)	3295	HSD17B4	['AGTGGAGACTGGAATCCCTTACACAYTGATCCTAACTTTGCTAGTCTAGCA']
2237	NM_022068.3(PIEZO2):c.8215T>C (p.Ser2739Pro)	63895	PIEZO2	['GTCCATTTGATCATTGTCTCTGGTGRGCGATATAGGAATATTAATTTGGCA']
2238	NM_012079.5(DGAT1):c.751+2T>C	8694	DGAT1	['GCACCTCAGGCCCACAGAGGTCCTCRCCGCGGTAGGTCAGATTGTCCGGGT']
2239	NM_003108.3(SOX11):c.178T>C (p.Ser60Pro)	6664	SOX11	['GCCGATGAACGCGTTCATGGTATGGYCCAAGATCGAACGCAGGAAGATCAT']
2240	NM_021072.3(HCN1):c.814T>C (p.Ser272Pro)	348980	HCN1	['TGATGTATGTATCTAATTAACCTTGRAAGTCGTAATAAACGCAAGAGACTG']
2241	NM_001079867.1(PEX2):c.739T>C (p.Cys247Arg)	5828	PEX2	['CACCAGTGGCAAAGAATGCGCTCTAYGTGGAGAGTGGCCCACCATGCCTCA']
2242	NM_022552.4(DNMT3A):c.1943T>C (p.Leu648Pro)	1788	DNMT3A	['CTGAATGCCCAAGTCCTTCAGCACCRGGAGCCCTGCACCAGCCAGCAGACA']
2243	NM_022552.4(DNMT3A):c.2705T>C (p.Phe902Ser)	1788	DNMT3A	['CGCAAAATACTCCTTCAGCGGAGCGRAGAGGTGGCGGATGACTGGCACGCT']
2244	NM_018400.3(SCN3B):c.482T>C (p.Met161Thr)	55800	SCN3B	['GAGGAAGACCAGAAGGATGTACATCRTGATTTCTGAGACCACAGAGGTGAA']
2245	NM_000406.2(GNRHR):c.392T>C (p.Met131Thr)	2798	GNRHR	['TTCTCCATGTATGCCCCAGCCTTCAYGATGGTGGTGATCAGCCTGGACCGC']
2246	NM_001030001.2(RPS29):c.149T>C (p.Ile50Thr)	6235	RPS29	['GCAGACGCCTACCTTAATGAAACCGRTATCCTTCGCGTACTGACGGAAACA']
2247	NM_177550.4(SLC13A5):c.1463T>C (p.Leu488Pro)	284111	SLC13A5	['CAGGGTACAGGGCAGCATGATGTACRGCGGATTGAGGCCGATGGAGCGAGA']
2248	NM_004464.3(FGF5):c.520T>C (p.Tyr174His)	2250	FGF5	['TTTTCAAGAAAATAGCTATAATACCBATGCCTCAGCAATACATAGAACTGA']
2249	NM_000051.3(ATM):c.4776+2T	472	ATM	['AGAGGACCCTTTTCACTCTTGGAGGYAATAA

【表６－７７】

	>C			AAATTTCATCATCTACTATT']
2250	NM_002880.3(RAF1):c.1808T>C (p.Leu603Pro)	5894	RAF1	['GTGTTGGAGCAGCTCAATGGAAGACRGGATCTGAAACAAAGCCCAAGAATG']
2251	NM_000251.2(MSH2):c.942+2T>C	4436	MSH2	['GTCAGAGCCCTTAACCTTTTTCAGGBAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA']
2252	NM_001077620.2(PRCD):c.2T>C (p.Met1Thr)	-1	-	['GGGAGGGGATGGGGCAGCTGCGCCAYGTGCACCACCCTTTTCCTGCTCAGC']
2253	NM_001142800.1(EYS):c.9209T>C (p.Ile3070Thr)	346007	EYS	['AGCCACAAAGTTTTTATGTGGATCARTATCCTCGGAAAGAATTAGACTGTT']
2254	NM_206933.2(USH2A):c.9751T>C (p.Cys3251Arg)	7399	USH2A	['TCCTAAATTGACAGGTGAAGTATGCYGTCCAGATGAACAGCACAATCGGGT']
2255	NM_000257.3(MYH7):c.4442T>C (p.Leu1481Pro)	-1	-	['GAGGCTCGCTCCCTCAGCACAGAGCYCTTCAAACTCAAGAACGCCTATGAG']
2256	NM_000257.3(MYH7):c.4835T>C (p.Leu1612Pro)	-1	-	['GAGACACGCAGCCGCAACGAGGCCCYGAGGGTGAAGAAGAAGATGGAAGGA']
2257	NM_000257.3(MYH7):c.4937T>C (p.Leu1646Pro)	-1	-	['GAGGCCCAGAAGCAAGTCAAGAGCCYCCAGAGCTTGTTGAAGGTACTCACC']
2258	NM_001199138.1(NLRC4):c.1022T>C (p.Val341Ala)	58484	NLRC4	['AATCTCATGAAGACCCCTCTCTTTGYGGTCATCACTTGTGCAATCCAGATG']
2259	NM_000076.2(CDKN1C):c.*5+2T>C	1028	CDKN1C	['GCGCAAGAGGCTGCGGTGAGCCAAGYGAGTACAGCGCACCTGGGGGGGCGC']
2260	NM_003159.2(CDKL5):c.659T>C (p.Leu220Pro)	6792	CDKL5	['CCTGGAGAAAGTGAAATTGACCAACYTTTTACTATTCAGAAGGTGCTAGGA']
2261	NM_005027.3(PIK3R2):c.1202T>C (p.Leu401Pro)	5296	PIK3R2	['CTCACCTTCTGCTCCGTTGTGGACCYCATCAATCACTACCGCCACGAGTCT']
2262	NM_173596.2(SLC39A5):c.911T>C (p.Met304Thr)	283375	SLC39A5	['TTCCTGCTCTTTGTGCTGGAGAACAYGCTGGGGCTTTTGCGGCACCGAGGG']
2263	NM_153334.6(SCARF2):c.190T>C (p.Cys64Arg)	91179	SCARF2	['CCTTGCTGCCTCCAGCCAGCGCAGCRCGTGGGCACCTGGGAGCTGCGAGCA']
2264	NM_001288767.1(ARMC5):c.1928T>C (p.Leu643Pro)	79798	ARMC5	['GGGGCACTTGTGACCGGCCCGGCGCYGTACGGCCTGCTGACCTATGTGACC']
2265	NM_001288767.1(ARMC5):c.1379T>C (p.Leu460Pro)	79798	ARMC5	['CGTGAGGCCATCAACCGGGCCCGACYGCGGGATGCTGGTGGCTTGGATCTA']
2266	NC_012920.1:m.9478T>C	4514	MT-CO3	['ATAATCCTATTTATTACCTCAGAAGYTTTTTTCTTCGCAGGATTTTTCTGA']
2267	NC_012920.1:m.11984T>C	4538	MT-ND4	['ACTAGTCACAGCCCTATACTCCCTCYACATATTTACCACAACACAATGGGG']
2268	NM_014845.5(FIG4):c.50T>C (p.Leu17Pro)	9896	FIG4	['ATCAGCTCGGTCCAGAAGCTGGTTCYGTATGAGACTAGAGCTGTGAGTACC']
2269	NM_003159.2(CDKL5):c.145+2T>C	6792	CDKL5	['TCAAGAAATTCAAGGACAGTGAAGGYAGATATATATATATATATATATATA']
2270	NM_002775.4(HTRA1):c.1091T>C (p.Leu364Pro)	5654	HTRA1	['CCATCTGATAAGATTAAAAAGTTCCYCACGGAGTCCCATGACCGACAGGCC']
2271	NM_021870.2(FGG):c.1210T>C	2266	FGG	['ATCTTCATAGTGGTTTTCTTCATGGRATACC

【表６－７８】

	(p.Ser404Pro)			ACCGGGTTTTCCAAGTGGCC']
2272	NM_017617.3(NOTCH1):c.1285T>C (p.Cys429Arg)	4851	NOTCH1	['TCGAAGGAGCCCAGCGTGTTGATGCRCTTGCCCGCATGCTCGCAGGGGTTG']
2273	NM_024915.3(GRHL2):c.1192T>C (p.Tyr398His)	79977	GRHL2	['GATGATTCAGATTGACACATACAGTYATAACAATCGTAGCAATAAACCCAT']
2274	NM_002049.3(GATA1):c.2T>C (p.Met1Thr)	2623	GATA1	['CGCAGGTTAATCCCCAGAGGCTCCAYGGAGTTCCCTGGCCTGGGGTCCCTG']
2275	NM_002049.3(GATA1):c.1240T>C (p.Ter414Arg)	2623	GATA1	['TACTGTGGTGGCTCCGCTCAGCTCAYGAGGGCACAGAGCATGGCCTCCAGA']
2276	NM_005859.4(PURA):c.299T>C (p.Leu100Pro)	5813	PURA	['GGCGCGGGCGGCAACAAGAGCCGCCYTACTCTCTCCATGTCAGTGGCCGTG']
2277	NM_032374.4(APOPT1):c.353T>C (p.Phe118Ser)	84334	APOPT1	['TTCTGGGCAAACCAGAATTTGACTTYTAGTAAGGTAAGTTTAAGTTTTAGA']
2278	NM_032551.4(KISS1R):c.937T>C (p.Tyr313His)	84634	KISS1R	['TAAGACCTGGGCTCACTGCATGTCCYACAGCAACTCCGCGCTGAACCCGCT']
2279	NM_017696.2(MCM9):c.1732+2T>C	254394	MCM9	['AAAGCTTGATACGATTAGCAGAAGGYCTATTTCATTCAGCGAATGATGCTT']
2280	NM_003159.2(CDKL5):c.602T>C (p.Leu201Pro)	6792	CDKL5	['GACATGTGGTCGGTGGGCTGTATTCYTGGGGAGCTTAGCGATGGACAGCCT']
2281	NM_005740.2(DNAL4):c.153+2T>C	10126	DNAL4	['GAGAAATTCTCCAACAACAACGAGGYATTGCCAGCAGTGCAGGCGGCCCCT']
2282	NM_201631.3(TGM5):c.763T>C (p.Trp255Arg)	9333	TGM5	['TTCAGGATGGCCACGCTGCCCGTCCRCTCCGCAGGGTTGGCGCCGTCTGTG']
2283	NM_201631.3(TGM5):c.122T>C (p.Leu41Pro)	9333	TGM5	['GCTCCGGTTCCTGAAGTACAGGGTGRGGTTGAAGGCCTGGCCCCGGCGAAC']
2284	NM_001287223.1(SCN11A):c.3473T>C (p.Leu1158Pro)	11280	SCN11A	['TACCTTCATTCCTTCAAACTGGGACRGCGCACGAAGAGGCCTCAGTGCTCG']
2285	NM_001287223.1(SCN11A):c.1142T>C (p.Ile381Thr)	11280	SCN11A	['GGGCTCTACTCAGTCTTCTTCTTCAYTGTGGTCATTTTCCTGGGCTCCTTC']
2286	NM_001302946.1(TRNT1):c.668T>C (p.Ile223Thr)	51095	TRNT1	['CATGATCCTGAGACTTTGGAAGCAAYTGCAGAAAATGCAAAAGGCTTGGCT']
2287	NM_001302946.1(TRNT1):c.497T>C (p.Leu166Ser)	51095	TRNT1	['TAATGAATAGGTTTTGATGGCACTTYATTTGACTACTTTAATGGTTATGAA']
2288	NM_018136.4(ASPM):c.2419+2T>C	259266	ASPM	['ATAGACACCTATGGAAAGATGTGGGYAAGAAGACTGCAGAAATCTTGACAT']
2289	NM_022455.4(NSD1):c.5885T>C (p.Ile1962Thr)	64324	NSD1	['TGGGGTCTACGGACAAAAACAGATAYTAAAAAGGTTAGAAAAAGCTAAATT']
2290	NM_022455.4(NSD1):c.5989T>C (p.Tyr1997His)	64324	NSD1	['TCAAGAACATGATATCACTAATTTCYATATGCTCACCCTAGACAAAGTAAG']
2291	NM_133433.3(NIPBL):c.7062+2T>C	25836	NIPBL	['AAAAAATATGCTGGATTCATTCATGYATGTATTTTAACATTTTATAACCTA']
2292	NM_000525.3(KCNJ11):c.988T>C (p.Tyr330His)	3767	KCNJ11	['GGAGGACGGACGTTACTCTGTGGACYACTCCAAGTTTGGCAACACCGTCAA']
2293	NM_004004.5(GJB2):c.107T>C	2706	GJB2	['CTCTTCATTTTTCGCATTATGATCCYCGTTGT

【表６－７９】

	(p.Leu36Pro)			GGCTGCAAAGGAGGTGTGG']
2294	NM_130838.1(UBE3A):c.2485T>C (p.Tyr829His)	7337	UBE3A	['CTTTAATGTGCTTTTACTTCCGGAAYACTCAAGCAAAGAAAAACTTAAAGA']
2295	NM_005682.6(ADGRG1):c.1460T>C (p.Leu487Pro)	9289	ADGRG1	['GCCATCTTCCTGCACTTCTCCCTGCYCACCTGCCTTTCCTGGATGGGCCTC']
2296	NM_000430.3(PAFAH1B1):c.841T>C (p.Cys281Arg)	5048	PAFAH1B1	['CCGAGAGCATGAGCATGTGGTAGAAYGCATTTCCTGGGCTCCAGAAAGCTC']
2297	NM_001005360.2(DNM2):c.1862T>C (p.Leu621Pro)	1785	DNM2	['GTGGACAGCTGGAAGGCCTCGTTCCYCCGAGCTGGCGTCTACCCCGAGAAG']
2298	NM_178151.2(DCX):c.683T>C (p.Leu228Pro)	1641	DCX	['CTGGAGACCGGGGTTGTCAAAAAACYCTACACTCTGGATGGAAAACAGGTA']
2299	NM_178151.2(DCX):c.641T>C (p.Ile214Thr)	1641	DCX	['TCTTTTGAGCAAGTCCTCACTGATAYCACAGAAGCCATCAAACTGGAGACC']
2300	NM_178151.2(DCX):c.412T>C (p.Tyr138His)	1641	DCX	['AGACAACTTCTTTAAAAAGGTGGAGYACACCAAGAATGTCAATCCCAACTG']
2301	NM_178151.2(DCX):c.272T>C (p.Leu91Pro)	1641	DCX	['TTGCTGGCTGACCTGACGCGATCTCYGTCTGACAACATCAACCTGCCTCAG']
2302	NM_178151.2(DCX):c.128T>C (p.Leu43Ser)	1641	DCX	['TGTAGCTTCTACCGAACCAGAACCTYGCAGGCACTGAGTAATGAGAAGAAA']
2303	NM_178151.2(DCX):c.2T>C (p.Met1Thr)	1641	DCX	['AGGTCTCTGAGGTTCCACCAAAATAYGGAACTTGATTTTGGACACTTTGAC']
2304	NM_000252.2(MTM1):c.260T>C (p.Leu87Pro)	4534	MTM1	['TCTTCTCTAATACTTGATGTTCCTCYGGGTGTGATCTCGAGAATTGAAAAA']
2305	NM_000252.2(MTM1):c.683T>C (p.Leu228Pro)	4534	MTM1	['AACTTTCTGACTTAACCATAGGTGCYGTCATGGATTCATCCAGAAAATAAG']
2306	NM_000252.2(MTM1):c.958T>C (p.Ser320Pro)	4534	MTM1	['TCATAATATTCATGTTATGCGGGAAYCTTTAAAAAAAGTGAAGGACATTGT']
2307	NM_000252.2(MTM1):c.1353+2T>C	4534	MTM1	['TGTGTGTGGCAAATGTCAAAACAGGYAAGGAATATGAGGGATGAAAATACA']
2308	NM_000252.2(MTM1):c.1367T>C (p.Phe456Ser)	4534	MTM1	['GTTTTTGTTTAGTTCCCTACAGCTTYTGAATTCAATGAACAATTTTTGATT']
2309	NM_000252.2(MTM1):c.1433T>C (p.Phe478Ser)	4534	MTM1	['CTGTATAGTTGCCGATTTGGTACTTYCTTATTCAACTGTGAATCTGCTCGA']
2310	NM_000252.2(MTM1):c.1495T>C (p.Trp499Arg)	4534	MTM1	['GGTTACAGAAAGGACTGTTTCTTTAYGGTCACTGATAAACAGTAATAAAGA']
2311	NM_006579.2(EBP):c.310T>C (p.Tyr104His)	10682	EBP	['TCTCTTCTTTTCTTCAGGGAAAGAGYATGCCAAGGGAGACAGCCGATACAT']
2312	NM_152296.4(ATP1A3):c.2270T>C (p.Leu757Pro)	478	ATP1A3	['GAGCCTGCCTGTGCCACAGGCCGCCYGATCTTCGACAACCTAAAGAAGTCC']
2313	NM_152296.4(ATP1A3):c.1250T>C (p.Leu417Pro)	478	ATP1A3	['GTGGCCCTGTCTCACATCGCTGGGCYCTGCAATCGCGCTGTCTTCAAGGGT']
2314	NM_152296.4(ATP1A3):c.1144T>C (p.Trp382Arg)	478	ATP1A3	['GAACCGCATGACAGTCGCCCACATGYGGTTTGACAACCAGATCCACGAGGC']
2315	NM_152296.4(ATP1A3):c.1112	478	ATP1A3	['ATCTGCTCAGATAAGACAGGGACCCYCACT

【表６－８０】

	T>C (p.Leu371Pro)			CAGAACCGCATGACAGTCGCC']
2316	NM_004963.3(GUCY2C):c.2782 T>C (p.Cys928Arg)	-1	-	['CTTTCTGTCCTTCATTTCAGGTCCCYGTGCTG CTGGAGTTGTGGGAATCAA']
2317	NM_000109.3(DMD):c.1700T> C (p.Leu567Pro)	1756	DMD	['GTTCACTGCATCTTCTTTTTCTGAARGCCATG CACTAAAAAGGCACTGCAA']
2318	NM_001543.4(NDST1):c.1918T >C (p.Phe640Leu)	3340	NDST1	['CAGCAACTACCCCAGCTCTGAGACCYTTGA GGAGATCCAGTTTTTTAATGG']
2319	NM_001999.3(FBN2):c.3740T> C (p.Met1247Thr)	2201	FBN2	['GGTGTCACAGCCTCCGTTCATTATCRTACAT TCATCAATATCTGTGAAAAC']
2320	NM_005154.4(USP8):c.2152T> C (p.Ser718Pro)	9101	USP8	['ACCTTCCAAACTGAAGCGCTCCTACYCCTCC CCAGATATAACCCAGGCTAT']
2321	NM_000734.3(CD247):c.2T>C (p.Met1Thr)	919	CD247	['CCTCTTTCTGAGGGAAAGGACAAGAYGAAG TGGAAGGCGCTTTTCACCGCG']
2322	NM_000663.4(ABAT):c.1433T> C (p.Leu478Pro)	18	ABAT	['AAATCCATTCGTTTCCGTCCCACGCYGGTCT TCAGGGATCACCACGCTCAC']
2323	NM_005211.3(CSF1R):c.2717T> C (p.Ile906Thr)	1436	CSF1R	['ACCCACAGACCCACCTTCCAGCAGAYCTGCT CCTTCCTTCAGGAGCAGGCC']
2324	NM_005211.3(CSF1R):c.2566T> C (p.Tyr856His)	1436	CSF1R	['CTTGGCCTTTGCAGGGCTGAATCCCYACCCT GGCATCCTGGTGAACAGCAA']
2325	NM_005211.3(CSF1R):c.2480T> C (p.Ile827Thr)	1436	CSF1R	['GTGAAGTGGATGGCCCCAGAGAGCAYCTTT GACTGTGTCTACACGGTTCAG']
2326	NM_005211.3(CSF1R):c.2450T> C (p.Leu817Pro)	1436	CSF1R	['TGGGGACTGTCATCCCAGGCCCGCCYGCCTG TGAAGTGGATGGCCCCAGAG']
2327	NM_005211.3(CSF1R):c.1957T> C (p.Cys653Arg)	1436	CSF1R	['GAACATCGTCAACCTTCTGGGAGCCYGTACC CATGGAGGTAAGGGCCTTGG']
2328	NM_005211.3(CSF1R):c.1745T> C (p.Leu582Pro)	1436	CSF1R	['AAGTGGGAGTTCCCCCGGAACAACCYGCAG TTTGGTGAGATGGCAGCTCAT']
2329	NM_001563.3(IMPG1):c.461T> C (p.Leu154Pro)	3617	IMPG1	['AATTCCCAGGAGCACCTGGATCTTCYCCAGC AGGTGAGCCTAAACACCACA']
	NM_001130823.1(DNMT1):c.15 31T>C (p.Tyr511His)	1786	DNMT1	[]
2330	NM_152515.4(CKAP2L):c.2T>C (p.Met1Thr)	15046 8	CKAP2L	['AGCAGCGGTAGGCCCGGGCCCCACCRTGAC TCTTCAGTGACAGTTTTTCTT']
2331	NM_170707.3(LMNA):c.1968+2 T>C	4000	LMNA	['GGCAACTCCAGCCCCCGAACCCAGGNGAGT TGTCTCTGCTTTGTCTCCAAA']
2332	NM_153818.1(PEX10):c.890T> C (p.Leu297Pro)	5192	PEX10	['AGAAACCCCCTGTGCACCCTGTGCCYGGAG GAGCGCAGGCACCCAACAGCC']
2333	NM_153818.1(PEX10):c.2T>C (p.Met1Thr)	5192	PEX10	['TCGGGACCACCCGAACCCGCGGCCAYGGCC CCGGCCGCCGCCAGCCCCCCG']
2334	NM_014305.3(TGDS):c.700T>C (p.Tyr234His)	23483	TGDS	['AATGCTTCTACAACATCAGTAGCATRAAGG AAGTTTCTTGTTTGAAGCCCT']
2335	NM_000256.3(MYBPC3):c.2994 +2T>C	4607	MYBPC3	['GTGAACCTTCTCATCCCTTTCCAGGYGGGAC TGGCCCCCTTCCCTGTCCCC']
2336	NM_000256.3(MYBPC3):c.1624	4607	MYBPC3	['CTCATGTGCCCCCCCAGCCAGGCTCDCCCTG

【表６－８１】

	+2T>C			CACAATGAGCTCAGCCAGCG']
2337	NM_000257.3(MYH7):c.2207T>C (p.Ile736Thr)	4625	MYH7	['GCGGCCATCCCTGAGGGACAGTTCAHTGATAGCAGGAAGGGGGCAGAGAAG']
2338	NM_000138.4(FBN1):c.7754T>C (p.Ile2585Thr)	2200	FBN1	['TGCCAGCATGGCTGCCAGAACATCAYTGGGGGCTACAGGTGCAGCTGCCCC']
2339	NM_000371.3(TTR):c.190T>C (p.Phe64Leu)	7276	TTR	['GGCTGCTGATGACACCTGGGAGCCAYTTGCCTCTGGGTAAGTTGCCAAAGA']
2340	NM_000126.3(ETFA):c.2T>C (p.Met1Thr)	2108	ETFA	['GAGGTTGCGGCGGAAGCGGAGACCAYGTTCCGAGCGGCGGCTCCGGGGCAG']
2341	NM_006493.2(CLN5):c.2T>C (p.Met1Thr)	1203	CLN5	['GCGGGCCGGGCGCGGGGAGGTGTCAYGCGCCGGAACCTGCGCTTGGGGCCA']
2342	NM_000543.4(SMPD1):c.475T>C (p.Cys159Arg)	6609	SMPD1	['CTCAGTGCTGAGCCCATCTGAGGCCYGTGGCCTGCTCCTGGGCTCCACCTG']
2343	NM_000501.3(ELN):c.889+2T>C	2006	ELN	['TTCCTGGAATTGGAGGCATCGCAGGYAACATCTGTCCCAGCAGGGGGCGGG']
2344	NM_000169.2(GLA):c.758T>C (p.Ile253Thr)	-1	-	['TGGACATCTTTTAACCAGGAGAGAAYTGTTGATGTTGCTGGACCAGGGGGT']
2345	NM_152743.3(BRAT1):c.176T>C (p.Leu59Pro)	221927	BRAT1	['GAGCACCCCTGCCTGGTGGAGCTGCYGTCCCATGTGCTGAAAGTCCAGGAC']
2346	NM_000152.3(GAA):c.896T>C (p.Leu299Pro)	2548	GAA	['CTCTACGGGTCTCACCCTTTCTACCBGGCGCTGGAGGACGGCGGGTCGGCA']
2347	NM_015384.4(NIPBL):c.7637T>C (p.Leu2546Pro)	25836	NIPBL	['AATGTGTCCCAGGGTATTTTATTACYTCTCATGTTAAAACAACATTTGAAG']
2348	NM_005641.3(TAF6):c.212T>C (p.Ile71Thr)	6878	TAF6	['ATTCTTTAGCTTCAAGGCGTAGTCADTGTCACTGGTGGTGAGCTTCTGCCG']
2349	NM_170707.3(LMNA):c.710T>C (p.Phe237Ser)	4000	LMNA	['ATTGACAATGGGAAGCAGCGTGAGTYTGAGAGCCGGCTGGCGGATGCGCTG']
2350	NM_000527.4(LDLR):c.1468T>C (p.Trp490Arg)	3949	LDLR	['GGACTGGATCCACAGCAACATCTACYGGACCGACTCTGTCCTGGGCACTGT']
2351	NM_000081.3(LYST):c.772T>C (p.Cys258Arg)	1130	LYST	['CATGAACAATTCTCCATTTGACTTAYGTCATGTTTTGTTATCTTTATTAGA']
2352	NM_000256.3(MYBPC3):c.3796T>C (p.Cys1266Arg)	4607	MYBPC3	['CTTACAGGGCGAGGCACGGTGTGAGYGCCGCCTGGAGGTGCGAGGTGAGGA']
2353	NM_000256.3(MYBPC3):c.3713T>C (p.Leu1238Pro)	4607	MYBPC3	['TTCAGCAAGCAGGGAGTGTTGACTCYGGAGATTAGAAAGCCCTGCCCCTTT']
2354	NM_000256.3(MYBPC3):c.3330+2T>C	4607	MYBPC3	['CAGAAAGCCGACAAGAAGACCATGGBGAGCCCAGGGTCTGGGGTCCCCACG']
2355	NM_000256.3(MYBPC3):c.1696T>C (p.Cys566Arg)	4607	MYBPC3	['CGCAAAGGACCAGGCGGTGTTCAAAYGTGAGGTCTCAGATGAGAATGTTCG']
2356	NM_000256.3(MYBPC3):c.1456T>C (p.Trp486Arg)	4607	MYBPC3	['ATCGGAGGAGGGGGCGCAAGTCAAABGGTGAGTTCCAGAAGCACGGGGCAT']
2357	NM_000256.3(MYBPC3):c.709T>C (p.Tyr237His)	4607	MYBPC3	['TGCCCAGCCTGCCTTCACTGGCAGCYACCGCTGTGAGGTGTCCACCAAGGA']
2358	NM_000256.3(MYBPC3):c.467T	4607	MYBPC3	['GGAGCCCCCGATGACCCCATTGGCCYCTTCG

【表６－８２】

	>C (p.Leu156Pro)			TGATGCGGCCACAGGATGGC']
2359	NM_000257.3(MYH7):c.2723T>C (p.Leu908Pro)	4625	MYH7	['GATGCTGAGGAGCGCTGTGATCAGCYGATCAAAAACAAGATTCAGCTGGAG']
2360	NM_000257.3(MYH7):c.2479T>C (p.Trp827Arg)	4625	MYH7	['TCGGGCCTTCATGGGGGTCAAGAATYGGCCCTGGATGAAGCTCTACTTCAA']
2361	NM_000257.3(MYH7):c.1400T>C (p.Ile467Thr)	4625	MYH7	['GTCCTGGACATCGCTGGCTTCGAGAYCTTCGATGTGAGTTGGGACCCCTGG']
2362	NM_000257.3(MYH7):c.1048T>C (p.Tyr350His)	4625	MYH7	['CACTTCAGAGGAGAAAAACTCCATGYATAAGCTGACAGGCGCCATCATGCA']
2363	NM_000257.3(MYH7):c.730T>C (p.Phe244Leu)	4625	MYH7	['CGTCCGGAACGACAACTCCTCCCGCYTCGTGAGTGGTCCCTGACCTTGGCC']
2364	NM_005159.4(ACTC1):c.755T>C (p.Ile252Thr)	-1	-	['CTGCCTGATGGCCAAGTCATCACTAYTGGCAATGAGCGCTTCCGCTGTCCT']
2365	NM_030662.3(MAP2K2):c.169T>C (p.Phe57Leu)	5605	MAP2K2	['GCAGCAGAAGAAGCGGCTGGAAGCCNTTCTCACCCAGAAAGCCAAGGTCGG']
2366	NM_000169.2(GLA):c.41T>C (p.Leu14Pro)	-1	-	['CCAGAACTACATCTGGGCTGCGCGCYTGCGCTTCGCTTCCTGGCCCTCGTT']
2367	NM_002294.2(LAMP2):c.864+2T>C	3920	LAMP2	['TATCTAGACTTTGTCTTTGCTGTGGYGAGTAACAGATTTTTTAAAGTTAGG']
2368	NM_000551.3(VHL):c.227T>C (p.Phe76Ser)	7428	VHL	['TCGCGCGAGCCCTCCCAGGTCATCTYCTGCAATCGCAGTCCGCGCGTCGTG']
2369	NM_000551.3(VHL):c.266T>C (p.Leu89Pro)	7428	VHL	['CCGCGCGTCGTGCTGCCCGTATGGCHCAACTTCGACGGCGAGCCGCAGCCC']
2370	NM_000551.3(VHL):c.473T>C (p.Leu158Pro)	7428	VHL	['GTTTTTGCCCTTCCAGTGTATACTCHGAAAGAGCGATGCCTCCAGGTTGTC']
2371	NM_000051.3(ATM):c.8584+2T>C	-1	-	['GCAGTGTAGCTACTTCTTCTATTGGYAATCTTCTTGTACATATAGTAGATT']
2372	NM_058216.2(RAD51C):c.404+2T>C	5889	RAD51C	['AGGTGTTGGAAAAACACAATTATGGYAAAATAAAGTGTTCTCCTTTTAAGG']
2373	NM_000455.4(STK11):c.545T>C (p.Leu182Pro)	6794	STK11	['CACAAGGACATCAAGCCGGGGAACCYGCTGCTCACCACCGGTGGCACCCTC']
2374	NM_001199107.1(TBC1D24):c.313T>C (p.Cys105Arg)	57465	TBC1D24	['GGACAACACGCAGGTGCCCAGCTACYGCCTGAATGCACGCGGCGAGGGGGC']
2375	NM_000899.4(KITLG):c.98T>C (p.Val33Ala)	4254	KITLG	['ACTGAAGGGATCTGCAGGAATCGTGYGACTAATAATGTAAAAGACGTCACT']
2376	NM_001195129.1(PRSS56):c.1183T>C (p.Cys395Arg)	646960	PRSS56	['GCAGTGCCTGCAGCGCCGGCGGCGAYGCGGTCAGTTCTGTTCACCCGGACC']
2377	NM_006888.4(CALM1):c.268T>C (p.Phe90Leu)	801	CALM1	['TAGTGAAGAAGAAATCCGTGAGGCAYTCCGAGTCTTTGACAAGGTAATCCA']
2378	NM_017534.5(MYH2):c.5609T>C (p.Leu1870Pro)	-1	-	['GAAGATAGAAAGAATATTCTCAGGCYTCAAGATTTGGTAGATAAACTTCAG']
2379	NM_003000.2(SDHB):c.574T>C (p.Cys192Arg)	6390	SDHB	['CTACGAGTGCATTCTCTGTGCCTGCYGTAGCACCAGCTGCCCCAGCTACTG']
2380	NM_000314.6(PTEN):c.406T>C	5728	PTEN	['AAAGGGACGAACTGGTGTAATGATAYGTGC

【表６－８３】

	(p.Cys136Arg)			ATATTTATTACATCGGGGCAA']
2381	NM_000051.3(ATM):c.2T>C (p.Met1Thr)	472	ATM	['ATGTGTGTTCTGAAATTGTGAACCAYGAGTC TAGTACTTAATGATCTGCTT']
2382	NM_052867.2(NALCN):c.1526T >C (p.Leu509Ser)	259232	NALCN	['GGTCCTGGAAAAAAGCTTGGGAGTTYGGTT GTATTTACTGCCAGCCTCTTG']
2383	NM_000314.6(PTEN):c.545T>C (p.Leu182Ser)	5728	PTEN	['TATGTGTATTATTATAGCTACCTGTYAAAGA ATCATCTGGATTATAGACCA']
2384	NM_005957.4(MTHFR):c.1969T >C (p.Ter657Arg)	4524	MTHFR	['ACGCAGGGCGTCAGGACGCAGGGTCRTGGA GCCTCCGTTTCTCTCGCATTC']
2385	NM_005957.4(MTHFR):c.1883T >C (p.Leu628Pro)	4524	MTHFR	['AACCTGGTGGACAATGACTTCCCACYGGAC AACTGCCTCTGGCAGGTGGTG']
2386	NM_005957.4(MTHFR):c.1793T >C (p.Leu598Pro)	4524	MTHFR	['CTGTGGATTGAGCGGTGGGGAAAGCYGTAT GAGGAGGAGTCCCCGTCCCGC']
2387	NM_005957.4(MTHFR):c.1530+ 2T>C	4524	MTHFR	['AGCGGGGGCTATGTCTTCCAGAAGGYGTGG TAGGGAGGCACGGGGTGCCCC']
2388	NM_005957.4(MTHFR):c.388T> C (p.Cys130Arg)	4524	MTHFR	['CCTGGAGACCATCCTGCACATGACCYGCTGC CGTCAGCGCCTGGAGGAGAT']
2389	NM_000264.3(PTCH1):c.3168+2 T>C	5727	PTCH1	['AACCCCTGGACGGCCGGGATCATTGYGAGT GTATTATAAGGGGCTTTGTGG']
2390	NM_000030.2(AGXT):c.302T>C (p.Leu101Pro)	189	AGXT	['GTGCTGGAGCCTGGGGACTCCTTCCYGGTTG GGGCCAATGGCATTTGGGGG']
2391	NM_000030.2(AGXT):c.322T>C (p.Trp108Arg)	189	AGXT	['CTTCCTGGTTGGGGCCAATGGCATTYGGGGG CAGCGAGCCGTGGACATCGG']
2392	NM_000023.2(SGCA):c.371T>C (p.Ile124Thr)	6442	SGCA	['ACTCGGCAGAGGCTGGTGCTGGAGAYTGGG GACCCAGAAGGTACCTCTAGC']
2393	NM_016035.4(COQ4):c.155T>C (p.Leu52Ser)	51117	COQ4	['CGCCATCGCCGCGGAGCCGGCGGCCRACAG CCCTTTCTGCAGCGGGGAGGT']
2394	NM_000510.2(FSHB):c.298T>C (p.Cys100Arg)	2488	FSHB	['GTATACATACCCAGTGGCCACCCAGYGTCA CTGTGGCAAGTGTGACAGCGA']
2395	NM_007374.2(SIX6):c.110T>C (p.Leu37Pro)	4990	SIX6	['CGCCTGGGTCGCTTCCTCTGGTCGCYGCCCG TGGCCCCTGCGGCCTGCGAG']
2396	NM_000314.6(PTEN):c.202T>C (p.Tyr68His)	5728	PTEN	['AAAGCATAAAAACCATTACAAGATAHACAA TCTGTAAGTATGTTTTCTTAT']
2397	NM_001103.3(ACTN2):c.683T> C (p.Met228Thr)	88	ACTN2	['GAGAAGCACCTGGATATTCCTAAAAYGTTG GATGCTGAAGGTGAGATGAAA']
2398	NM_005249.4(FOXG1):c.700T> C (p.Ser234Pro)	2290	FOXG1	['GCAGAACTCCATCCGCCACAATCTGYCCCTC AACAAGTGCTTCGTGAAGGT']
2399	NM_001165963.1(SCN1A):c.40 55T>C (p.Leu1352Pro)	-1	-	['ATTCCATCCATCATGAATGTGCTTCYGGTTT GTCTTATATTCTGGCTAATT']
2400	NM_001165963.1(SCN1A):c.26 90T>C (p.Leu897Ser)	6323	SCN1A	['GCTCTGGGAAATTTAACCCTCGTCTYGGCCA TCATCGTCTTCATTTTTGCC']
2401	NM_001165963.1(SCN1A):c.12 65T>C (p.Val422Ala)	6323	SCN1A	['CTAATAAATTTGATCCTGGCTGTGGHGGCCA TGGCCTACGAGGAACAGAAT']
2402	NM_001165963.1(SCN1A):c.10	6323	SCN1A	['TTTCTTTTACCCCACTTGCAGCCAAYGTCCA

【表６－８４】

	33T>C (p.Cys345Arg)			GAGGGATATATGTGTGTGAA']
2403	NM_001165963.1(SCN1A):c.769T>C (p.Cys257Arg)	6323	SCN1A	['AGATGTAATGATCCTGACTGTGTTCYGTCTGAGCGTATTTGCTCTAATTGG']
2404	NM_001165963.1(SCN1A):c.323T>C (p.Leu108Pro)	6323	SCN1A	['TTCCGGTTCAGTGCCACCTCTGCCCYGTACATTTTAACTCCCTTCAATCCT']
2405	NM_000426.3(LAMA2):c.8282T>C (p.Ile2761Thr)	3908	LAMA2	['GCAGAATCAGAACCAGCTCTTTTGAYAGGGAGCAAGCAGTTCGGGCTTTCA']
2406	NM_001199.3(BMP1):c.*241T>C	649	BMP1	['GTCTGTGACATTTCCTGTTGTGAAGYAAAAGAGGGACCCCTGCGTCCTGCT']
2407	NM_001987.4(ETV6):c.1046T>C (p.Leu349Pro)	2120	ETV6	['CTTTGGGATTACGTCTATCAGTTGCYTTCTGACAGCCGGTACGAAAACTTC']
2408	NM_004974.3(KCNA2):c.788T>C (p.Ile263Thr)	3737	KCNA2	['ATGAACATCATTGACATTGTGGCCAYCATCCCCTACTTCATCACCCTGGGG']
2409	NM_002055.4(GFAP):c.791T>C (p.Leu264Pro)	2670	GFAP	['GTGTCCCCCACCTAGTTTGCAGACCYGACAGACGCTGCTGCCCGCAACGCG']
2410	NM_002055.4(GFAP):c.239T>C (p.Phe80Ser)	2670	GFAP	['GAGATGATGGAGCTCAATGACCGCTYTGCCAGCTACATCGAGAAGGTTCGC']
2411	NM_002055.4(GFAP):c.218T>C (p.Met73Thr)	2670	GFAP	['ACCCGGGCCAGTGAGCGGGCAGAGADGATGGAGCTCAATGACCGCTTTGCC']
2412	NM_001288953.1(TTC7A):c.1912T>C (p.Ser638Pro)	57217	TTC7A	['TTTGCCTGATGCCCATGATGCAGACYCTGGTAAGAACGAGCTCCTTGGGCC']
2413	NM_000257.3(MYH7):c.5117T>C (p.Leu1706Pro)	-1	-	['TCCCGGAAGCTGGCGGAGCAGGAGCYGATTGAGACTAGTGAGCGGGTGCAG']
2414	NM_000257.3(MYH7):c.4772T>C (p.Leu1591Pro)	-1	-	['ATGGAACAGGCCAAGCGCAACCACCWGCGGGTGGTGGACTCGCTGCAGACC']
2415	NM_016218.2(POLK):c.609T>C (p.Asn203=)	51426	POLK	['TGAGTCTTGATGAAGCCTACTTGAAYATAACAAAGCACTTAGAAGAAAGAC']
2416	NM_016218.2(POLK):c.*66T>C	51426	POLK	['TATTTTATAATCAATGAATTTGTTCYTTCTGATTTTAAGTTTGCAGATTTA']
2417	NM_015662.2(IFT172):c.770T>C (p.Leu257Pro)	26160	IFT172	['AGTCCTGGGGGCCAGTCTGTTGTGCYAGGAAGTTATGACAGGTAAGTCCCC']
2418	NM_178454.4(DRAM2):c.79T>C (p.Tyr27His)	128338	DRAM2	['GACATCTGCTGCTTTCATATTTTCAYACATTACTGCAGTAACACTCCACCA']
2419	NM_032790.3(ORAI1):c.581T>C (p.Leu194Pro)	84876	ORAI1	['CTCTTCCTAGCTGAGGTGGTGCTGCYCTGCTGGGTCAAGTTCTTGCCCCTC']
2420	NM_001135669.1(XPR1):c.434T>C (p.Leu145Pro)	9213	XPR1	['GAGTTCTACCTCAGTCTAATCCTGCYGCAGAACTATCAGGTACTTAGATTC']
2421	NM_001135669.1(XPR1):c.419T>C (p.Leu140Pro)	9213	XPR1	['AAACTGGCCTTCAGTGAGTTCTACCYCAGTCTAATCCTGCTGCAGAACTAT']
2422	NM_001135669.1(XPR1):c.653T>C (p.Leu218Ser)	9213	XPR1	['GACAGACAAAAGGCTATGAAGCGTTYACGTGTCCCCCCTTTGGGAGCTGCT']
2423	NM_005859.4(PURA):c.218T>C (p.Phe73Ser)	5813	PURA	['CGGGTGGACATCCAGAACAAGCGCTYCTACCTGGACGTGAAGCAGAACGCC']
2424	NM_005859.4(PURA):c.563T>C	5813	PURA	['CTGGGCTCCACGCAGGGCCAGACCAYTGCG

【表６－８５】

	(p.Ile188Thr)			CTGCCCGCGCAGGGGCTCATC']
2425	NM_001399.4(EDA):c.396+2T>C	1896	EDA	['TCTGACTCCCAGGACGGGCACCAGGKGAGTCACCTAGTAGGGGCGGCGGCG']
2426	NM_001848.2(COL6A1):c.957+2T>C	1291	COL6A1	['TCCAGGGGACCCAAGGGCTACAAGGYGAGCGTGGGCTGCTGGGAGGGGGGA']
2427	NM_000454.4(SOD1):c.341T>C (p.Ile114Thr)	6647	SOD1	['TCACTCTCAGGAGACCATTGCATCAYTGGCCGCACACTGGTGGTAAGTTTT']
2428	NM_020451.2(SEPN1):c.872+2T>C	57190	SEPN1	['CTTCTACTACACTGTGATGTTCCGGYGAGTGGGCCACACTGGCTGGCCTGG']
2429	NM_004453.3(ETFDH):c.1001T>C (p.Leu334Pro)	2110	ETFDH	['GGTCTAGACTATCAGAATCCATACCYGAGTCCATTTAGAGAGTTCCAAAGG']
2430	NM_198056.2(SCN5A):c.4299+6T>C	6331	SCN5A	['CAGCTGTGGACTCCAGGGGGGTAGGYTGCCACAGTGGCTTCTTCCACCAAG']
2431	NM_198056.2(SCN5A):c.2291T>C (p.Met764Thr)	6331	SCN5A	['TTCACAGGGATTTTCACAGCAGAGABGACCTTCAAGATCATTGCCCTCGAC']
2432	NM_198056.2(SCN5A):c.2047T>C (p.Cys683Arg)	6331	SCN5A	['AGAGTTAGAGGAGTCTCGCCACAAGBGTCCACCATGCTGGAACCGTCTCGC']
2433	NM_004415.2(DSP):c.4961T>C (p.Leu1654Pro)	1832	DSP	['GAAAAGCAGAGGACCCAGGAAGAGCYGAGGAGGCTCTCTTCTGAGGTCGAG']
2434	NM_000238.3(KCNH2):c.2396T>C (p.Leu799Pro)	3757	KCNH2	['CGGGGCGACGTCGTCGTGGCCATCCYGGGTATGGGGTGGGGGGCGGGCACT']
2435	NM_000238.3(KCNH2):c.2366T>C (p.Ile789Thr)	3757	KCNH2	['TTCATCTCCCGGGGCTCCATCGAGAYCCTGCGGGGCGACGTCGTCGTGGCC']
2436	NM_000238.3(KCNH2):c.1945+6T>C	3757	KCNH2	['CTGCGTCATGCTCATTGGCTGTGAGYGTGCCCAGGGGCGGGCGGCGGGGAG']
2437	NM_000238.3(KCNH2):c.1918T>C (p.Phe640Leu)	3757	KCNH2	['TCCCAACACCAACTCAGAGAAGATCBTCTCCATCTGCGTCATGCTCATTGG']
2438	NM_000238.3(KCNH2):c.1282T>C (p.Ser428Pro)	3757	KCNH2	['CTACACGGCTGTCTTCACACCCTACYCGGCTGCCTTCCTGCTGAAGGAGAC']
2439	NM_000238.3(KCNH2):c.125T>C (p.Ile42Thr)	3757	KCNH2	['GCTCGGGTGGAGAACTGCGCCGTCAHCTACTGCAACGACGGCTTCTGCGAG']
2440	NM_000218.2(KCNQ1):c.1025T>C (p.Leu342Pro)	3784	KCNQ1	['GTCTTTGCCATCTCCTTCTTTGCGCYCCCAGCGGTAGGTGCCCCGTGGGTG']
2441	NM_000218.2(KCNQ1):c.1251+2T>C	3784	KCNQ1	['CCCAAACCCAAGAAGTCTGTGGTGGYGAGTAGCCCACCTGCCACCAGGGCA']
2442	NM_130799.2(MEN1):c.547T>C (p.Trp183Arg)	4221	MEN1	['CCTCGCCCTGTCTGAGGATCATGCCYGGGTAGTGTTTGGGCCCAATGGGGA']
2443	NM_000138.4(FBN1):c.7531T>C (p.Cys2511Arg)	2200	FBN1	['CACCATTGGCGGCTTCACATGCAAAYGTCCTCCCGGATTTACCCAACACCA']
2444	NM_000138.4(FBN1):c.7111T>C (p.Trp2371Arg)	2200	FBN1	['ATGCTGCTGTGACGGAGGGAGAGGCYGGGGTCCCCACTGTGAGATCTGCCC']
2445	NM_000138.4(FBN1):c.6274T>C (p.Trp2092Arg)	2200	FBN1	['CTGCTGTGCCTTGAAGGGAGAAGGCYGGGGAGACCCCTGCGAGCTCTGCCC']
2446	NM_000138.4(FBN1):c.5746T>	2200	FBN1	['CACAATTGGTTCCTTCAACTGCCGCYGCAAT

【表６－８６】

	C (p.Cys1916Arg)			CATGGTTTCATCCTTTCTCA']
2447	NM_000138.4(FBN1):c.5726T>C (p.Ile1909Thr)	2200	FBN1	['GGGAATGGAACTTGCCGGAACACAAYTGGTTCCTTCAACTGCCGCTGCAAT']
2448	NM_000138.4(FBN1):c.1468+2T>C	2200	FBN1	['TGGACCTCCGTGGGGAGTGTATTGGYACGTGATCCATCCTAGGTTGGCACC']
2449	NM_004572.3(PKP2):c.2386T>C (p.Cys796Arg)	5318	PKP2	['TCTCATTGAAACTACAGCCTCTGCCYGTTACACATTGAACAACATAATCCA']
2450	NM_004333.4(BRAF):c.1783T>C (p.Phe595Leu)	673	BRAF	['AGACCTCACAGTAAAAATAGGTGATYTTGGTCTAGCTACAGTGAAATCTCG']
2451	NM_000543.4(SMPD1):c.416T>C (p.Leu139Pro)	6609	SMPD1	['GCCGTGTGCCAATCCATTGTCCACCYCTTTGAGGATGACATGGTGGAGGTG']
2452	NM_000016.5(ACADM):c.698T>C (p.Ile233Thr)	34	ACADM	['GAAGCAGATACCCCAGGAATTCAGAHTGGGAGAAAGGTAAAGTATTTATTA']
2453	NM_004453.3(ETFDH):c.1852T>C (p.Ter618Gln)	2110	ETFDH	['AGGAGGACCTGCTTACAATGGAATGYAAACTGCAGCTAGCCAGTTTCTTTC']
2454	NM_000255.3(MUT):c.842T>C (p.Leu281Ser)	4594	MUT	['GCCATTCTGGAGCTGGCCTATACTTYAGCAGATGGATTGGAGTACTCTAGA']
2455	NM_000277.1(PAH):c.2T>C (p.Met1Thr)	5053	PAH	['AGACCTCACTCCCGGGGAGCCAGCABGTCCACTGCGGTCCTGGAAAACCCA']
2456	NM_000017.3(ACADS):c.1057T>C (p.Ser353Pro)	35	ACADS	['GGCAGCCATGGCCAAGCTGGCCGCCYCGGAGGCCGCGACCGCCATCAGCCA']
2457	NM_002225.3(IVD):c.295+2T>C	3712	IVD	['GCGTATTGGGCATCACAGCCCCTGGYGAGTATAGTGTCTTTCCCTAAAAAG']
2458	NM_000030.2(AGXT):c.2T>C (p.Met1Thr)	189	AGXT	['CGAGCGGCAGGTTGGGTGCGGACCAYGGCCTCTCACAAGCTGCTGGTGACC']
2459	NM_000030.2(AGXT):c.77T>C (p.Leu26Pro)	189	AGXT	['CTCTCCATCCCCAACCAGCTCCTGCYGGGGCCTGGTCCTTCCAACCTGCCT']
2460	NM_000030.2(AGXT):c.449T>C (p.Leu150Pro)	189	AGXT	['GGCCTGGCCCAGCACAAGCCAGTGCYGCTGTTCTTAACCCACGGGGAGTCG']
2461	NM_000030.2(AGXT):c.497T>C (p.Leu166Pro)	189	AGXT	['TCGTCCACCGGCGTGCTGCAGCCCCHTGATGGCTTCGGGGAACTCTGCCAC']
2462	NM_000030.2(AGXT):c.661T>C (p.Ser221Pro)	189	AGXT	['CGCCCCTCCAGGGACCTCGCTCATCYCCTTCAGTGACAAGGCCAAGTGAGT']
2463	NM_000030.2(AGXT):c.757T>C (p.Cys253Arg)	189	AGXT	['CAAGTGGCTGGCCAACTTCTGGGGCYGTGACGACCAGCCCAGGATGTGAGG']
2464	NM_000030.2(AGXT):c.806T>C (p.Leu269Pro)	189	AGXT	['CATCACACAATCCCCGTCATCAGCCYGTACAGCCTGAGAGAGAGCCTGGCC']
2465	NM_000030.2(AGXT):c.851T>C (p.Leu284Pro)	189	AGXT	['CCAGCGCCATCTCCCACACAGGGCCYGGAGAACAGCTGGCGCCAGCACCGC']
2466	NM_000030.2(AGXT):c.893T>C (p.Leu298Pro)	189	AGXT	['CAGCACCGCGAGGCCGCGGCGTATCYGCATGGGCGCCTGCAGGCACTGGGG']
2467	NM_000030.2(AGXT):c.947T>C (p.Leu316Pro)	189	AGXT	['TGAGCCAGGCCCCTCCTGCAGGCGCYCCGGCTTCCCACAGTCACCACTGTG']
2468	NM_000030.2(AGXT):c.1076T>	189	AGXT	['AGCCCGCCCTGTGCCCCCCAGGTGCYGCGG

【表６－８７】

	C (p.Leu359Pro)			ATCGGCCTGCTGGGCTGCAAT']
2469	NM_000030.2(AGXT):c.1151T>C (p.Leu384Pro)	189	AGXT	['GTGACGGAGGCCCTGAGGGCGGCCCYGCAGCACTGCCCCAAGAAGAAGCTG']
2470	NM_012203.1(GRHPR):c.203T>C (p.Leu68Pro)	9380	GRHPR	['TCCGACCACGTGGACAAGAGGATCCYGGATGCTGCAGGTGCACACTGGGTG']
2471	NM_012203.1(GRHPR):c.965T>C (p.Met322Thr)	9380	GRHPR	['CTGGCTGGCCTGAGAGGGGAGCCGABGCCTAGTGAACTCAAGCTGTAGCCA']
2472	NM_138413.3(HOGA1):c.533T>C (p.Leu178Pro)	112817	HOGA1	['GTCCCAGCCAACACAGGGCTGGACCYGCCTGTGGATGCAGTGGTCACGCTT']
2473	NM_138413.3(HOGA1):c.875T>C (p.Met292Thr)	112817	HOGA1	['GGGATCCCAGGGCTGAAGAAAATCAYGGACTGGTTTGGCTACTATGGAGGC']
2474	NM_004370.5(COL12A1):c.7001T>C (p.Ile2334Thr)	1303	COL12A1	['TTCTTGACTGATGCCTCCTGGAGCAYTGGGGACGATAATTTTAACAAAGTT']
2475	NM_019074.3(DLL4):c.583T>C (p.Phe195Leu)	54567	DLL4	['CCTGTGCAAGAAGCGCAATGACCACYTCGGCCACTATGTGTGCCAGCCAGA']
2476	NM_019074.3(DLL4):c.1168T>C (p.Cys390Arg)	54567	DLL4	['CCAGGGGGCCAACTATGCTTGTGAAYGTCCCCCCAACTTCACCGGCTCCAA']
2477	NM_015909.3(NBAS):c.3164T>C (p.Leu1055Pro)	51594	NBAS	['TCAGAGCTTTTGGAAAAACATGGACYCGAGAAACCAATTTCATTTGTTAAA']
2478	NM_000263.3(NAGLU):c.1208T>C (p.Ile403Thr)	4669	NAGLU	['GCCTCCTTCCAGGGCCAGCCCTTCAYCTGGTGCATGCTGCACAACTTTGGG']
2479	NM_203290.2(POLR1C):c.436T>C (p.Cys146Arg)	9533	POLR1C	['TCTACAGTTTCGTCTCCAGGTCAGAYGCACTCGGAACCCCCATGCTGCTAA']
2480	NM_018359.3(UFSP2):c.868T>C (p.Tyr290His)	-1	-	['CCAGGGCATATATGGCTATCATCATYATATGCAGGATCGCATAGATGACAA']
2481	NM_000310.3(PPT1):c.2T>C (p.Met1Thr)	5538	PPT1	['CCGCGGTCATGTGACACAGCGAAGAYGGCGTCGCCCGGCTGCCTGTGGCTC']
2482	NM_021007.2(SCN2A):c.1271T>C (p.Val424Ala)	6326	SCN2A	['CTAATAAATTTGATCTTGGCTGTGGYGGCCATGGCCTATGAGGAACAGAAT']
2483	NM_021007.2(SCN2A):c.2306T>C (p.Ile769Thr)	6326	SCN2A	['GTTGACCTGGCCATCACCATCTGCAYTGTCTTAAATACACTCTTCATGGCT']
2484	NM_021007.2(SCN2A):c.4308+2T>C	6326	SCN2A	['TATGCAGCTGTTGATTCACGAAATGYAAGTCTAGTTAGAGGGAAATTGTTT']
2485	NM_021007.2(SCN2A):c.4718T>C (p.Leu1573Pro)	6326	SCN2A	['TGGATTAATCTGGTGTTTATTGTTCYGTTCACTGGAGAATGTGTGCTGAAA']
2486	NM_001165963.1(SCN1A):c.5567T>C (p.Met1856Thr)	-1	-	['CAGCTCATTGCCATGGATTTGCCCAHGGTGAGTGGTGACCGGATCCACTGT']
2487	NM_001165963.1(SCN1A):c.1094T>C (p.Phe365Ser)	6323	SCN1A	['AATCCCAATTATGGCTACACAAGCTYTGATACCTTCAGTTGGGCTTTTTTG']
2488	NM_001165963.1(SCN1A):c.662T>C (p.Leu221Pro)	6323	SCN1A	['TCGGCATTGAGAACATTCAGAGTTCYCCGAGCATTGAAGACGATTTCAGTC']
2489	NM_000806.5(GABRA1):c.788T>C (p.Met263Thr)	2554	GABRA1	['ATTCAAACATACCTGCCATGCATAAYGACAGTGATTCTCTCACAAGTCTCC']
2490	NM_014191.3(SCN8A):c.4889T	6334	SCN8A	['GCCCGTATTGGGCGCATCTTGCGTCYGATCA

【表６－８８】

	>C (p.Leu1630Pro)			AAGGCGCCAAAGGGATTCGT']
2491	NM_005249.4(FOXG1):c.673T>C (p.Trp225Arg)	2290	FOXG1	['TTACTACCGCGAGAACAAGCAGGGCYGGCAGAACTCCATCCGCCACAATCT']
2492	NM_017882.2(CLN6):c.486+2T>C	54982	CLN6	['AAGAATCTCAAGCCGGAGACGCTGGYGAGGCCACCTCCTGCTCCCTGCCTG']
2493	NM_002693.2(POLG):c.1808T>C (p.Met603Thr)	5428	POLG	['AGGGAAGCCATCCCAGGTAAGTGCCRTGAGTTTAGGTGTGACCCGCATCTG']
2494	NM_002693.2(POLG):c.1283T>C (p.Leu428Pro)	5428	POLG	['AGGCAGGTAGGAGACACCCATCTCCRGCATGCCGGCCAGAGTCACTGGGTG']
2495	NM_018129.3(PNPO):c.2T>C (p.Met1Thr)	55163	PNPO	['GGGTCACGTGGCCGGCGGCCCCCCAYGACGTGCTGGCTGCGGGGCGTCACG']
2496	NM_007254.3(PNKP):c.1029+2T>C	11284	PNKP	['ACCCCCACCCCCGCCCCAGGGCCTCRCCGGATCAAAGGCTGGGAGCTCGAA']
2497	NM_172107.2(KCNQ2):c.583T>C (p.Ser195Pro)	3785	KCNQ2	['CTCCCAGGGCAACGTCTTTGCCACAYCTGCGCTCCGGAGCCTGCGCTTCCT']
2498	NM_000026.2(ADSL):c.340T>C (p.Tyr114His)	158	ADSL	['TATTCACCTTGGTGCTACTTCTTGCYATGTTGGAGACAATACTGTAGGCGC']
2499	NM_000026.2(ADSL):c.1339T>C (p.Ser447Pro)	158	ADSL	['CCAGTTGGATCATTTACTGGATCCTYCTTCTTTCACTGGTCGTGCCTCCCA']
2500	NM_001356.4(DDX3X):c.704T>C (p.Leu235Pro)	1654	DDX3X	['GGGTCTGGAAAAACTGCAGCATTTCYGTTGCCCATCTTGAGTCAGATTTAT']
2501	NM_001356.4(DDX3X):c.1175T>C (p.Leu392Pro)	1654	DDX3X	['TAAAAATTTTTTTTCTTTCAGATGCYGGCTCGTGATTTCTTAGATGAATAT']
2502	NM_001356.4(DDX3X):c.1541T>C (p.Ile514Thr)	1654	DDX3X	['GACATTTCAAATGTGAAACATGTTAYCAATTTTGACTTGCCAAGTGATATT']
2503	NM_020533.2(MCOLN1):c.317T>C (p.Leu106Pro)	57192	MCOLN1	['ACCATCGCCTTCCGACACCTCTTCCYGCTGGGCTACTCGGACGGAGCGGAT']
2504	NM_020533.2(MCOLN1):c.1340T>C (p.Leu447Pro)	57192	MCOLN1	['TACTGCTTCTGTGGCTGGATCGTGCYGGGGCCCTATCATGTGAAGGTACAT']
2505	NM_000083.2(CLCN1):c.1283T>C (p.Phe428Ser)	1180	CLCN1	['CCCCGCGAAGCCATCAGTACTTTGTYTGACAACAATACATGGGTGAAACAC']
2506	NM_003995.3(NPR2):c.226T>C (p.Ser76Pro)	4882	NPR2	['CAGCTCCGAACTGGAAGGCGCCTGCYCTGAGTACCTGGCACCGCTGAGCGC']
2507	NM_004700.3(KCNQ4):c.808T>C (p.Tyr270His)	9132	KCNQ4	['GGACGCCAACTCCGACTTCTCCTCCYACGCCGACTCGCTCTGGTGGGGGAC']
2508	NM_004700.3(KCNQ4):c.823T>C (p.Trp275Arg)	9132	KCNQ4	['CTTCTCCTCCTACGCCGACTCGCTCYGGTGGGGGACGGTGCGTGAGGGTCT']
2509	NM_005097.3(LGI1):c.124T>C (p.Cys42Arg)	9211	LGI1	['GGGGAAGAAACCAGCGAAGCCAAAABGCCCTGCCGTGTGTACTTGTACCAA']
2510	NM_005572.3(LMNA):c.936+2T>C	4000	LMNA	['CAGCTCAGCCAGCTCCAGAAGCAGGYGATACCCCACCTCACCCCTCTCTCC']
2511	NM_006009.3(TUBA1A):c.1226T>C (p.Val409Ala)	7846	TUBA1A	['AAACGTGCCTTTGTTCACTGGTACGYTGGGGAGGGGATGGAGGAAGGTGAG']
2512	NM_001081550.1(THOC2):c.13	57187	THOC2	['GACGTGTTCAATATGTTCTGTTACCYTGGTC

【表６－８９】

	13T>C (p.Leu438Pro)			CTCACCTTTCTCACGATCCC']
2513	NM_001081550.1(THOC2):c.3034T>C (p.Ser1012Pro)	57187	THOC2	['ACATCAACAGAAAACTCCAAATTTTYCCACACTTCTTTGCTATGATCGAGT']
2514	NM_001081550.1(THOC2):c.2399T>C (p.Ile800Thr)	57187	THOC2	['GATTATATAAAGCGAGTGCCTTCAAYTGATGTACTCTGTAATGAATTTCAT']
2515	NM_001356.4(DDX3X):c.1520T>C (p.Ile507Thr)	1654	DDX3X	['CAGGTAGCAGCAAGAGGACTGGACAYTTCAAATGTGAAACATGTTATCAAT']
2516	NM_000158.3(GBE1):c.691+2T>C	2632	GBE1	['TGAATAAAAATCACAGTTATTACTTRCCAAGGCCTTTGATTCTTGGTAGTA']
2517	NM_000719.6(CACNA1C):c.3497T>C (p.Ile1166Thr)	775	CACNA1C	['ATGAACATCTTCGTGGGCTTCGTCAYCGTCACCTTTCAGGAGCAGGGGGAG']
2518	NM_001105.4(ACVR1):c.587T>C (p.Leu196Pro)	90	ACVR1	['TGTACATCAGGAAGTGGCTCTGGTCYTCCTTTTCTGGTACAAAGAACAGTG']
2519	NM_024531.4(SLC52A2):c.935T>C (p.Leu312Pro)	79581	SLC52A2	['CCCTACGGGCGTCTGGCCTACCACCYGGCTGTGGTGCTGGGCAGTGCTGCC']
2520	NM_033409.3(SLC52A3):c.224T>C (p.Ile75Thr)	113278	SLC52A3	['AGCTGCCTTTCCGAAGTGCCCATCAYCTTCACCCTGCTGGGCGTGGGAACC']
2521	NM_033409.3(SLC52A3):c.49T>C (p.Trp17Arg)	113278	SLC52A3	['GGTCTGCGTCTTCGGAATGGGCTCCYGGGTGACCATCAATGGGCTCTGGGT']
2522	NM_133433.3(NIPBL):c.6108+2T>C	25836	NIPBL	['CCATACCTTACCACTAAATGTAGTGYAAGTATAGAGCTGTCTTATTCTTGT']
2523	NM_002397.4(MEF2C):c.2T>C (p.Met1Thr)	4208	MEF2C	['CGTAATCTGAATCTTTTTTCTCCCCDTAGTCCCCGTTTTTCTTCTCTCTCT']
2524	NM_000124.3(ERCC6):c.2551T>C (p.Trp851Arg)	2074	ERCC6	['AATACTCGCTGACCCTGCTTGTGCCRTATTTTCAACAAAGACTCAACAACA']
2525	NM_000208.2(INSR):c.1610+2T>C	3643	INSR	['GTTCATGCTGTTCTACAAAGAGGCGYAAGTAGAAGAGTTAGAGAGACGCTG']
2526	NM_000071.2(CBS):c.325T>C (p.Cys109Arg)	875	CBS	['CTCCCGCCCGCGTTGAAGAACTCACRCTTGGCCACTGGGAGGCAGAGATGA']
2527	NM_004550.4(NDUFS2):c.875T>C (p.Met292Thr)	4720	NDUFS2	['CATTATGCTCTCCACAGTGGAGTGAYGCTTCGGGGCTCAGGCATCCAGTGG']
2528	NM_003119.3(SPG7):c.2228T>C (p.Ile743Thr)	6687	SPG7	['AAGGAAGTGATAAACTATGAGGACAYTGAGGCTCTCATTGGCCCGCCGCCC']
2529	NM_000546.5(TP53):c.584T>C (p.Ile195Thr)	7157	TP53	['CACACGCAAATTTCCTTCCACTCGGRTAAGATGCTGAGGAGGGGCCAGACC']
2530	NM_018972.2(GDAP1):c.347T>C (p.Met116Thr)	54332	GDAP1	['AGGTTAATGCCTGATAAAGAAAGCAKGTATTACCCACGGGTACAACATTAC']
2531	NM_000070.2(CAPN3):c.566T>C (p.Leu189Pro)	825	CAPN3	['TGCCTGCCAACGTACAACAATCAACYGGTTTTCACCAAGTCCAACCACCGC']
2532	NM_000070.2(CAPN3):c.1117T>C (p.Trp373Arg)	825	CAPN3	['TTAATTCCTCCATTTTCCCACCAGAYGGAAGGACTGGAGCTTTGTGGACAA']
2533	NM_181534.3(KRT25):c.950T>C (p.Leu317Pro)	147183	KRT25	['AAATTGTTCTTTTCATACCGTGGCTRGGAGAGACTGAAGTTCAATTTCCAG']
2534	NM_001002294.2(FMO3):c.560	2328	FMO3	['CCAGGTGTATTCAATGGAAAGCGTGBCCTG

【表６－９０】

	T>C (p.Val187Ala)			GTGGTTGGCCTGGGGAATTCG']
2535	NM_001080522.2(CC2D2A):c.1676T>C (p.Leu559Pro)	57545	CC2D2A	['GAAATTCAAGCTGAAATAAGTGAACYGTTAGAAGAGCACACGGAGGAGTAC']
2536	NM_001080522.2(CC2D2A):c.3596T>C (p.Ile1199Thr)	57545	CC2D2A	['TACCAAGTCATATTTTCTTCACAGAYTGATGGAACATTTAAAATAGATATT']
2537	NM_025114.3(CEP290):c.2343T>C (p.Asn781=)	80184	CEP290	['CCTGTAACAAATGTATTAAATATTCRTTCTGAGAATTAATGATACTGGCAC']
2538	NM_030578.3(B9D2):c.107T>C (p.Leu36Pro)	80776	B9D2	['CGTTTGGCCCTCCCGCACGCCTGACRGGAGCTTCCATGCCGCCCCTGCAGT']
2539	NM_004304.4(ALK):c.3520T>C (p.Phe1174Leu)	238	ALK	['ACATCCCTCTCTGCTCTGCAGCAAAKTCAACCACCAGAACATTGTTCGCTG']

表７．ＡからＣへの変化を含有する疾患／障害。表は、グアニン（Ｇ）をアデニン（Ａ）へ変化させることによって修正されてもよいヒト遺伝子変異を含む。遺伝子名、遺伝子記号、およびGene IDが表示される。

【表７－１】

配列番号	名称	Gene ID	遺伝子記号	隣接配列(Flanks)
3144	NM_017547.3(FOXRED1):c.1289A>G (p.Asn430Ser)	55572	FOXRED1	['GTGGGCCCCCACCCGCTAGTTGTCAVCATGTACTTTGCTACTGGCTTCAGT']
3145	NM_001006657.1(WDR35):c.25-2A>G	57539	WDR35	['CTAGTGCGGCTGTGGTTGCTTTTTCVGATTTCCATTCCCAATAACGTGAAG']
3146	NM_001006657.1(WDR35):c.1877A>G (p.Glu626Gly)	57539	WDR35	['TATGTTTTCAGAAACTTGGATCCTGRGGTAAAAACAAGAAATGAGTGTTAA']
3147	NM_000374.4(UROD):c.932A>G (p.Tyr311Cys)	7389	UROD	['GGCAACCTGGACCCCTGTGCCTTGTRTGCATCTGAGGTAACAGCCAGGGCC']
3148	NM_004315.4(ASAH1):c.155A>G (p.Tyr52Cys)	427	ASAH1	['ACAGAGGACTGCAGAAAATCAACCTRTCCTCCTTCAGGACCAACGTGAGTA']
3149	NM_004315.4(ASAH1):c.1006A>G (p.Asn336Asp)	427	ASAH1	['GGGTAGATGGTATGTGGTACAAACARATTATGACCGTTGGAAACATCCCTT']
3150	NM_000071.2(CBS):c.1150A>G (p.Lys384Glu)	875	CBS	['GGTGACTCCCCCATCCCGCAGGACCRAGTTCCTGAGCGACAGGTGGATGCT']
3151	NM_000274.3(OAT):c.734A>G (p.Tyr245Cys)	4942	OAT	['GGCGTTGTTGTTCCGGATCCAGGTTRCCTAATGGGAGTGCGAGAGCTCTGC']
3152	NM_001385.2(DPYS):c.1001A>G (p.Gln334Arg)	1807	DPYS	['GATAACTGCACTTTCAACACCTGCCRGAAAGCTCTTGGGAAGGATGATTTT']
3153	NM_024598.3(USB1):c.502A>G (p.Arg168Gly)	79650	USB1	['GATTTACACCAATCAAGAGAAAACCRGGTGGGTCCTCCCAACCCCCAATCA']
3154	NM_001194958.2(KCNJ18):c.1097A>G (p.Lys366Arg)	100134444	KCNJ18	['AGTGCGAAGGATCTGGTAGAGAACARGTTCCTGCTGCCCAGTGCCAACTCC']
3155	NM_001914.3(CYB5A):c.130-	1528	CYB5A	['TTTTTATTCTACCTCTCCTTTGAACRGCATC

【表７－２】

	2A>G			CTGGTGGGGAAGAAGTTTTA']
3156	NM_000398.6(CYB5R3):c.719A>G (p.Asp240Gly)	1727	CYB5R3	['CGCTTCAAGCTCTGGTACACGCTGGRCAGAGCCCCTGAAGGTGAGTGAGGG']
3157	NM_004628.4(XPC):c.413-24A>G	7508	XPC	['ATTATTATTGTTATTACTATTACTGRTTTTTAAAAATGCTTGTTGATAGAA']
3158	NM_001134363.2(RBM20):c.1909A>G (p.Ser637Gly)	282996	RBM20	['TGGCCCAGAAAGGCCGCGGTCTCGTRGTCCGGTGAGCCGGTCACTCTCCCC']
3159	NM_000552.3(VWF):c.2384A>G (p.Tyr795Cys)	7450	VWF	['GAGTGTACCAAAACGTGCCAGAACTRTGACCTGGAGTGCATGAGCATGGGC']
3160	NM_000552.3(VWF):c.1583A>G (p.Asn528Ser)	7450	VWF	['ACCTGCGGCCTGTGTGGGAATTACARTGGCAACCAGGGCGACGACTTCCTT']
3161	NM_144573.3(NEXN):c.1955A>G (p.Tyr652Cys)	91624	NEXN	['ACTTTCCCAGAAGATGGAGGAGAGTRTATGTGTAAAGCAGTCAACAATAAA']
3162	NM_000267.3(NF1):c.4267A>G (p.Lys1423Glu)	4763	NF1	['CGAAAGGGGCTTGAAGTTAATGTCARAGGTGAATTATTTTGATAATCTAGC']
3163	NM_000267.3(NF1):c.1642-8A>G	4763	NF1	['TCTCTTTGTCTTTCTCTTTTTTAAARAATTCAGGCTCTGCTGGTTCTTCAT']
3164	NM_000267.3(NF1):c.1466A>G (p.Tyr489Cys)	4763	NF1	['CCTACAGACCTGGAGACAAGAAGCTRTAAGTATCTTCTCTTGTCCATGGTG']
3165	NM_000267.3(NF1):c.5944-5A>G	4763	NF1	['AAAAACATGTTATTTTCCTTCTTCARCTAGATTACAGATCTGCTTGATGTT']
3166	NM_000308.2(CTSA):c.746+3A>G	5476	CTSA	['TACCATGGCCTTCTGGGGAACAGGTRTGGGATAGGGCAGTTGGGCAATCTC']
3167	NM_000308.2(CTSA):c.200A>G (p.Gln67Arg)	5476	CTSA	['CTGGCCAAGCAGCCGTCTTTCCGCCRGTACTCCGGCTACCTCAAAGGCTCC']
3168	NM_000308.2(CTSA):c.1238A>G (p.Tyr413Cys)	5476	CTSA	['CTTTAGAAATACCAGATCCTATTATRTAATGGAGATGTAGACATGGCCTGC']
3169	NM_000308.2(CTSA):c.1411A>G (p.Lys471Glu)	5476	CTSA	['CTCCCACATCGCCTTTCTCACGATCRAGGTAGGGACTGGGCCTGCTGAGAG']
3170	NM_000353.2(TAT):c.236-5A>G	6898	TAT	['TTCCAAACACAGTAGGGTCCCCTTTYTATGGGAGGAAAACACAAAAGGAGC']
3171	NM_000097.5(CPOX):c.1210A>G (p.Lys404Glu)	1371	CPOX	['TAATCTGCTGTATGATCGGGGCACARAGTTTGGCCTCTTCACTCCAGGATC']
3172	NM_000317.2(PTS):c.155A>G (p.Asn52Ser)	5805	PTS	['AACAATCCAAATGGCCATGGGCACARTTATAAAGGTGAGAGAAAAACTGAT']
3173	NM_000317.2(PTS):c.139A>G (p.Asn47Asp)	5805	PTS	['ACTGTTTGGGAAATGCAACAATCCARATGGCCATGGGCACAATTATAAAGG']
3174	NM_000317.2(PTS):c.347A>G (p.Asp116Gly)	5805	PTS	['GAAAATGTAGCTGTTTATATCTGGGRCAACCTCCAGAAAGTTCTTCCTGTA']
3175	NM_000320.2(QDPR):c.449A>G (p.Tyr150Cys)	5860	QDPR	['CCCCATTTCCCAGGTATGATCGGGTRCGGCATGGCCAAGGGTGCTGTTCAC']
3176	NM_173560.3(RFX6):c.224-12A>G	222546	RFX6	['TCTATTTTTCTTTATCATCCCTTCARCTGGCAATCAGAAATGCACTTAAAC']
3177	NM_001999.3(FBN2):c.3725-	2201	FBN2	['TTCATCAATATCTGTGAAAACAGCAYTGC

【表７－３】

	15A>G			AACCACATTGTCAGGTCTGCTT']
3178	NM_001040613.2(TMEM70):c.*7-2A>G	54968	TMEM70	['GATCCTCTCTCTTTTTTTCCCATTTRGGTGTGAAATGTTTCTCTTATTCTA']
3179	NM_152416.3(NDUFAF6):c.296A>G (p.Gln99Arg)	137682	NDUFAF6	['AGGGCCTTTAATGTGGAACTGGCTCRGGCTGGTATTAAGATACCTTAAAAT']
3180	NM_000140.3(FECH):c.1137+3A>G	2235	FECH	['ACTAAAACGATTGTAACACTGTAGAYACCTTAGAGAACAATGGATTTCCAT']
3181	NM_000277.1(PAH):c.1A>G (p.Met1Val)	5053	PAH	['GAGACCTCACTCCCGGGGAGCCAGCDTGTCCACTGCGGTCCTGGAAAACCC']
3182	NM_000277.1(PAH):c.611A>G (p.Tyr204Cys)	5053	PAH	['TCCTTGTATAAAACCCATGCTTGCTRTGAGTACAATCACATTTTTCCACTT']
3183	NM_000277.1(PAH):c.1241A>G (p.Tyr414Cys)	5053	PAH	['ATACCTCGGCCCTTCTCAGTTCGCTRCGACCCATACACCCAAAGGATTGAG']
3184	NM_000277.1(PAH):c.662A>G (p.Glu221Gly)	5053	PAH	['CTTGAAAAGTACTGTGGCTTCCATGRAGATAACATTCCCCAGCTGGAAGAC']
3185	NM_000277.1(PAH):c.916A>G (p.Ile306Val)	5053	PAH	['TTCTATTTTCCCCCAATTACAGGAARTTGGCCTTGCCTCTCTGGGTGCACC']
3186	NM_000277.1(PAH):c.1169A>G (p.Glu390Gly)	5053	PAH	['TTCCAGCCCCTGTATTACGTGGCAGRGAGTTTTAATGATGCCAAGGAGAAA']
3187	NM_000277.1(PAH):c.1065+3A>G	5053	PAH	['TGTCATCCTTTGGTGAATTACAGGTVTGACCTTCACAGGAACCAAGGATAG']
3188	NM_000277.1(PAH):c.227A>G (p.Glu76Gly)	5053	PAH	['AGACCTTCTCGTTTAAAGAAAGATGVGTATGAATTTTTCACCCATTTGGAT']
3189	NM_000130.4(F5):c.1000A>G (p.Arg334Gly)	2153	F5	['CATTAAAAACTGCCCAAAGAAAACCRGGAATCTTAAGAAAATAACTCGTGA']
3190	NM_000130.4(F5):c.5189A>G (p.Tyr1730Cys)	2153	F5	['GGCTCTGCCTGTCGGGCTTGGGCCTRCTACTCAGCTGTGAACCCAGTAGGT']
3191	NM_000512.4(GALNS):c.1460A>G (p.Asn487Ser)	2588	GALNS	['TTGGTCCCCGCGCAGCCCCAGCTCARCGTGTGCAACTGGGCGGTCATGGTA']
3192	NM_015702.2(MMADHC):c.746A>G (p.Tyr249Cys)	27249	MMADHC	['ACTCTTTTTGAAACTGATGAACGCTRCCGACATTTAGGATTCTCTGTTGAT']
3193	NM_015141.3(GPD1L):c.370A>G (p.Ile124Val)	23171	GPD1L	['TAACTTCTTGGCATCCTTGTAGGGCRTAGACGAGGGCCCCGAGGGGCTGAA']
3194	NM_013319.2(UBIAD1):c.305A>G (p.Asn102Ser)	29914	UBIAD1	['GTGCACGGGGCCGGTAATTTGGTCARCACTTACTATGACTTTTCCAAGGGC']
3195	NM_013319.2(UBIAD1):c.355A>G (p.Arg119Gly)	29914	UBIAD1	['CATTGACCACAAAAAGAGTGATGACRGGACACTTGTGGACCGAATCTTGGA']
3196	NM_013319.2(UBIAD1):c.695A>G (p.Asn232Ser)	29914	UBIAD1	['AGCACCGAGGCCATTCTCCATTCCARCAACACCAGGGACATGGAGTCCGAC']
3197	NM_013319.2(UBIAD1):c.335A>G (p.Asp112Gly)	29914	UBIAD1	['TACTATGACTTTTCCAAGGGCATTGRCCACAAAAAGAGTGATGACAGGACA']
3198	NM_000046.3(ARSB):c.629A>G (p.Tyr210Cys)	411	ARSB	['GTTGCAACAGGATATAAAAATATGTRTTCAACAAACATATTCACCAAAAGG']
3199	NM_006331.7(EMG1):c.257A>G	10436	EMG1	['CGGGACCCTGGGGAAGCGCGGCCAGRTAT

【表７－４】

	(p.Asp86Gly)			CACCCACCAGGTAACTCCAGGG']
3200	NM_000181.3(GUSB):c.1484A>G (p.Tyr495Cys)	2990	GUSB	['CTGCTGCTCTGGTCCTAGGCTCCGTRTGTG GATGTGATCTGTTTGAACAGC']
3201	NM_000067.2(CA2):c.754A>G (p.Asn252Asp)	760	CA2	['CTGGCGCCCAGCTCAGCCACTGAAGRACA GGCAAATCAAAGCTTCCTTCAA']
3202	NM_000067.2(CA2):c.52A>G (p.Lys18Glu)	760	CA2	['TCCCCCAGGACCTGAGCACTGGCATVAGG ACTTCCCCATTGCCAAGGGAGA']
3203	NM_000404.2(GLB1):c.947A>G (p.Tyr316Cys)	2720	GLB1	['TTTATAGGTGGGACCAATTTTGCCTRTTGG AATGGTAAGAGCACTTTAATA']
3204	NM_000404.2(GLB1):c.1498A>G (p.Thr500Ala)	2720	GLB1	['TTTGCAGGGTTTGGTTTCTAACCTGRCTCT CAGTTCCAATATCCTCACGGA']
3205	NM_000404.2(GLB1):c.1480-2A>G	2720	GLB1	['GAGAGTCAGGTTAGAAACCAAACCCYGCA AAGCAGAAACAGAGCACAGTGA']
3206	NM_000404.2(GLB1):c.1772A>G (p.Tyr591Cys)	2720	GLB1	['ATTAATGGCTTTAACCTTGGCCGCTRTTGG CCAGCCCGGGGCCCTCAGTTG']
3207	NM_203447.3(DOCK8):c.1418A>G (p.Lys473Arg)	81704	DOCK8	['ACTCTGAGCGTTAGCAGCTTTTTCARGCAG GTATCTCTTCACATTACAGTG']
3208	NM_000275.2(OCA2):c.1465A>G (p.Asn489Asp)	4948	OCA2	['TGCCACTGCCATCGGGGACCCTCCARATGT CATTATTGTTTCCAACCAAGA']
3209	NM_152778.2(MFSD8):c.362A>G (p.Tyr121Cys)	256471	MFSD8	['ATTTCCGTGGCAGCCAACTGCCTCTVTGCA TATCTCCACATCCCAGCTTCT']
3210	NM_139241.3(FGD4):c.1762-2A>G	121512	FGD4	['ACTGTTCATTTTTCTTTTAAATTTARGGTGG TTTGTTGGAAATGCTCCGAC']
3211	NM_020223.3(FAM20C):c.1364-2A>G	56975	FAM20C	['TGTGACACTTTCTGCCTCTCTCCGCRGGAA ACATGGACCGTCACCACTACG']
3212	NM_138387.3(G6PC3):c.346A>G (p.Met116Val)	92579	G6PC3	['GGCAGGCAGCCCTTCTGGACACTGCRTGA TCACAGGAGCAGCCCTCTGGCC']
3213	NM_018122.4(DARS2):c.133A>G (p.Ser45Gly)	55157	DARS2	['TTTTTTTTTTTTTTTTAAAGAATTCRGTAGC TTTGTTGTCCGGACCAACAC']
3214	NM_000642.2(AGL):c.4260-12A>G	178	AGL	['CATCTTTTATTTAACTTAAATTTCARTCATT TTGCAGTGATATGGTTTACT']
3215	NM_000642.2(AGL):c.3439A>G (p.Arg1147Gly)	178	AGL	['TCTACTGGGTGAAGGAATTTATGCCRGATA CAATTGTCGGGATGCTGTGTG']
3216	NM_145014.2(HYLS1):c.632A>G (p.Asp211Gly)	-1	-	['TTAAGCCGAAACCGGGGCAAGACAGRCCG GGTAGCCCGGTATTTTGAGTAC']
3217	NM_014362.3(HIBCH):c.365A>G (p.Tyr122Cys)	26275	HIBCH	['GCTCCAGTTTTCTTCAGAGAAGAATRTATG CTGAATAATGCTGTTGGTATG']
3218	NM_014846.3(KIAA0196):c.1411A>G (p.Asn471Asp)	9897	KIAA0196	['TTTTCTTATTTCTGTATTACTAGAARACCTT CAAGCTTGGTTCAGAGAGAT']
3219	NM_000505.3(F12):c.158A>G (p.Tyr53Cys)	2161	F12	['GAGCCCTGCCACTTCCCCTTCCAGTRCCAC CGGCAGCTGTACCACAAATGT']
3220	NM_001029871.3(RSPO4):c.194A>G (p.Gln65Arg)	343637	RSPO4	['TTCATCCGCCGGGAAGGCATCCGCCRGTA CGGCAAGTGCCTGCACGACTGT']
3221	NM_017654.3(SAMD9):c.4483A>	54809	SAMD9	['TAAAAGACTGGAAAGACTTGTTCACRAAG

【表７－５】

	G (p.Lys1495Glu)			GAAAAATTGACCAGTGCTTTAA']
3222	NM_152419.2(HGSNAT):c.372-2A>G	138050	HGSNAT	['TGTCTTAATTTTACCTAATGTTTGTRGGTTGGAATACAGATTTGGAGAATT']
3223	NM_001174089.1(SLC4A11):c.2518A>G (p.Met840Val)	83959	SLC4A11	['CATGAGCTCCCTGCCCTACATGAAGRTGATCTTTCCCCTCATCATGATCGC']
3224	NM_012073.4(CCT5):c.440A>G (p.His147Arg)	22948	CCT5	['CAGGCTGCTCGTGTTGCTATTGAACRCCTGGACAAGATCAGCGATAGCGTC']
3225	NM_025114.3(CEP290):c.2991+1655A>G	80184	CEP290	['CACCTGGCCCCAGTTGTAATTGTGARTATCTCATACCTATCCCTATTGGCA']
3226	NM_153704.5(TMEM67):c.870-2A>G	91147	TMEM67	['TATTAAAACAGTTGTAACTGTTTATRGGAGACAGAATCTTCCTTGGCTGTT']
3227	NM_153704.5(TMEM67):c.1538A>G (p.Tyr513Cys)	91147	TMEM67	['TATCAGGTTTCTTTCTCAGTCACATDTGAAATGGATCATGGAGAAGCACAT']
3228	NM_001041.3(SI):c.350A>G (p.Gln117Arg)	6476	SI	['GTTGATAATCATGGTTATAACGTTCRAGACATGACAACAACAAGTATTGGT']
3229	NM_015697.7(COQ2):c.890A>G (p.Tyr297Cys)	27235	COQ2	['TCTGGAGTTATGTGGACACTAATATRTGATACTATTTATGCCCATCAGGTA']
3230	NM_015697.7(COQ2):c.683A>G (p.Asn228Ser)	27235	COQ2	['GCACTGGGTGTTCTTCTGTGTCTAARTTACTACAGGTATATTAAACGTTTT']
3231	NM_000190.3(HMBS):c.1A>G (p.Met1Val)	3145	HMBS	['CACAGCCTACTTTCCAAGCGGAGCCRTGTCTGGTAACGGCAATGCGGCTGC']
3232	NM_004035.6(ACOX1):c.832A>G (p.Met278Val)	51	ACOX1	['GAGTAACAAGCTGACTTACGGGACCRTGGTGTTTGTCAGGTCCTTCCTTGT']
3233	NM_004035.6(ACOX1):c.926A>G (p.Gln309Arg)	51	ACOX1	['ATCCGATACAGCGCTGTGAGGCACCRGTCTGAAATCAAGCCAGGGTAAGGA']
3234	NM_000237.2(LPL):c.548A>G (p.Asp183Gly)	4023	LPL	['TGCTTTTTTCCCTTTTAAGGCCTCGRTCCAGCTGGACCTAACTTTGAGTAT']
3235	NM_000237.2(LPL):c.953A>G (p.Asn318Ser)	4023	LPL	['TGCAACAATCTGGGCTATGAGATCARTAAAGTCAGAGCCAAAAGAAGCAGC']
3236	NM_001171993.1(HPD):c.362A>G (p.Tyr121Cys)	3242	HPD	['TACATCGGCCAATTCTTGCCTGGATRTGAGGCCCCAGCGTTCATGGACCCC']
3237	NM_139281.2(WDR36):c.1064A>G (p.Asn355Ser)	134430	WDR36	['CTTCTTGTCACAAATGGCGCTGACARTGCTCTTAGGGTATTATGATTATTG']
3238	NM_001127255.1(NLRP7):c.2738A>G (p.Asn913Ser)	-1	-	['CTCACAAACCTGGACTTGAGTATCARCCAGATAGCTCGTGGATTGTGGATT']
3239	NM_016417.2(GLRX5):c.294A>G (p.Gln98=)	51218	GLRX5	['TGCTGGACGACCCGGAGCTCCGACARGGTCAGGCCAGTGTGCCGGGCAGGC']
3240	NM_024884.2(L2HGDH):c.293A>G (p.His98Arg)	79944	L2HGDH	['ACTGGACATAACAGTGGTGTCATACRTAGTGGAATTTATTATAAACCTGAG']
3241	NM_000382.2(ALDH3A2):c.1157A>G (p.Asn386Ser)	224	ALDH3A2	['ACATCCAGTGGAGGTGTCACAGGCARTGACGTCATTATGCACTTCACGCTC']
3242	NM_018105.2(THAP1):c.266A>G (p.Lys89Arg)	55145	THAP1	['TTTCTTTGTACTGAGCCACATGACARGGTAATATGCATTTTAAAATATTGG']
3243	NM_000785.3(CYP27B1):c.566A>	1594	CYP27B1	['GCCCTGGTTCGGGACGTGGCGGGGGRATT

【表７－６】

	G (p.Glu189Gly)			TTACAAGTTCGGACTGGAAGGT']
3244	NM_182548.3(LHFPL5):c.380A>G (p.Tyr127Cys)	222662	LHFPL5	['TTCATCTGCAACACGGCCACAGTCTRTAAGATCTGTGCATGGATGCAGCTG']
3245	NM_015040.3(PIKFYVE):c.3308A>G (p.Lys1103Arg)	200576	PIKFYVE	['TTCAAAGAAATGGAGAACAGGAGGARGAAACAGCTGCTCAGGGATCTCTCT']
3246	NM_138701.3(MPLKIP):c.430A>G (p.Met144Val)	136647	MPLKIP	['GTTGGAAAATTATTTCAAGCCTTCARTGCTTGAAGATCCTTGGGCTGGCCT']
3247	NM_152783.4(D2HGDH):c.1315A>G (p.Asn439Asp)	728294	D2HGDH	['TGCCCTTGTCCCTCCAGGAGATGGTRACCTGCACCTCAATGTGACGGCGGA']
3248	NM_022912.2(REEP1):c.183-2A>G	65055	REEP1	['AACTTGTGTTTTCATCTCTCTCTCCRGGTTTCCATTCTATTATGAACTAAA']
3249	NM_000060.3(BTD):c.755A>G (p.Asp252Gly)	686	BTD	['ACATGCTTTGATATATTGTTCTTTGRCCCTGCCATCAGAGTCCTCAGAGAC']
3250	NM_022132.4(MCCC2):c.1309A>G (p.Ile437Val)	64087	MCCC2	['TGTGGCCTGTGCCCAAGTGCCTAAGDTAACCCTCATCATTGGGGGCTCCTA']
3251	NM_022132.4(MCCC2):c.569A>G (p.His190Arg)	64087	MCCC2	['GCAGATGTGTTTCCAGATCGAGACCRCTTTGGCCGTACATTCTATAATCAG']
3252	NM_198578.3(LRRK2):c.5096A>G (p.Tyr1699Cys)	120892	LRRK2	['ATCATCCGACTATATGAAATGCCTTRTTTTCCAATGGGATTTTGGTCAAGA']
3253	NM_198578.3(LRRK2):c.3364A>G (p.Ile1122Val)	120892	LRRK2	['TGTGACTAGAAATAAAATATCAGGGRTATGCTCCCCCTTGAGACTGAAGGA']
3254	NM_000022.2(ADA):c.219-2A>G	100	ADA	['TTCCCAACCCCTTTCTTCCCTTCCCRGGGGCTGCCGGGAGGCTATCAAAAG']
3255	NM_000022.2(ADA):c.290A>G (p.Tyr97Cys)	100	ADA	['ATGAAGGCCAAAGAGGGCGTGGTGTDTGTGGAGGTGCGGTACAGTCCGCAC']
3256	NM_017780.3(CHD7):c.3082A>G (p.Ile1028Val)	55636	CHD7	['TTTAGTAATTGCCCCATTGTCCACARTCCCCAACTGGGAAAGGGAATTCCG']
3257	NM_017780.3(CHD7):c.164A>G (p.His55Arg)	55636	CHD7	['TTTGCCTCTTTACAGCCATCCCTTCRTCATCCTTCAACTAATCAAAATCAA']
3258	NM_152443.2(RDH12):c.677A>G (p.Tyr226Cys)	145226	RDH12	['GTCCCAGGCACCGGGGTCACCACCTRCGCAGTGCACCCAGGCGTCGTCCGC']
3259	NM_015335.4(MED13L):c.752A>G (p.Glu251Gly)	23389	MED13L	['TACCCGATGGTGCTAAAAAAGAAAGRAGAATCGAAAGAGGAAGACGAGTTG']
3260	NM_015335.4(MED13L):c.6068A>G (p.Asp2023Gly)	23389	MED13L	['GCTTTTTTTCCCCCCTTCCCTCTAGRTGATATGTTTGTTGACCTTCCATTC']
3261	NM_025265.3(TSEN2):c.926A>G (p.Tyr309Cys)	80746	TSEN2	['TATTTTCAGGCCTTTTTCTTGGTCTRTGCTCTGGGATGTTTAAGTATTTAC']
3262	NM_015384.4(NIPBL):c.7289A>G (p.Tyr2430Cys)	25836	NIPBL	['AAAACAGACGTGACTATGCTCTTGTRTATAGCAGACAATCTAGCCTGTTTT']
3263	NM_207352.3(CYP4V2):c.1091-2A>G	285440	CYP4V2	['GTCATCTTATCTACTTGCTTTCATCRGGGAAGTCTGACCGTCCCGCTACAG']
3264	NM_024006.5(VKORC1):c.172A>G (p.Arg58Gly)	79001	VKORC1	['CAGCTGTTCGCGCGTCTTCTCCTCCRGGTGTGCACGGGAGTGGGAGGCGTG']
3265	NM_000551.3(VHL):c.491A>G	7428	VHL	['TATACTCTGAAAGAGCGATGCCTCCRGGTT

【表７－７】

	(p.Gln164Arg)			GTCCGGAGCCTAGTCAAGCCT']
3266	NM_000101.3(CYBA):c.281A>G (p.His94Arg)	1535	CYBA	['AATTACTATGTTCGGGCCGTCCTGCRTCTC CTGTGAGTCCCCGTCCCGCAC']
3267	NM_014874.3(MFN2):c.827A>G (p.Gln276Arg)	9927	MFN2	['TTGTTTGGGCTCCAGGTGCGGCGGCRGCAC ATGGAGCGTTGTACCAGCTTC']
3268	NM_015046.5(SETX):c.1807A>G (p.Asn603Asp)	23064	SETX	['GCAGAAGTCAGATCCACAAAAGTGTYACA TGGAGGTGCTTTGAATTTTATG']
3269	NM_005609.2(PYGM):c.1A>G (p.Met1Val)	5837	PYGM	['CAGTCCGGCCCGCCCTCCTGCAGCCVTGTC CCGGCCCCTGTCAGACCAAGA']
3270	NM_033071.3(SYNE1):c.15705-12A>G	23345	SYNE1	['ACTTCACTTCTGTTTTATCCCTGTARTGTTT CTGAAGCATGCAGGAGAAAG']
3271	NM_130468.3(CHST14):c.878A>G (p.Tyr293Cys)	113189	CHST14	['CTGTGCCAGCCTTGTGCCGTGCACTRTGAC TTTGTGGGCTCCTATGAGAGG']
3272	NM_206933.2(USH2A):c.14020A>G (p.Arg4674Gly)	7399	USH2A	['AAAAGTTTTGTATTACGAATTATACRGAAG ACAAATAGCAACTCAGCCTAG']
3273	NM_000048.3(ASL):c.857A>G (p.Gln286Arg)	435	ASL	['AGCACGGGAAGCAGCCTGATGCCCCRGAA GAAAAACCCCGACAGTTTGGAG']
3274	NM_001875.4(CPS1):c.1010A>G (p.His337Arg)	1373	CPS1	['CAGGCTTTCATTACTGCTCAGAATCRTGGC TATGCCTTGGACAACACCCTC']
3275	NM_001173464.1(KIF21A):c.2839A>G (p.Met947Val)	55605	KIF21A	['GACCATTTCCAACATGGAGGCAGATRTGA ATAGACTCCTCAAGGTGTGGAA']
3276	NM_000026.2(ADSL):c.736A>G (p.Lys246Glu)	158	ADSL	['CATCACAGGGCAGACATATACACGARAAG TGGATATTGAAGTACTGTCTGT']
3277	NM_024577.3(SH3TC2):c.530-2A>G	79628	SH3TC2	['AGCCATTGCTTTTCTCATTATCCACRGGCC ACTTCTTCTGCAGAGCCCTGT']
3278	NM_018249.5(CDK5RAP2):c.4005-15A>G	55755	CDK5RAP2	['AGCATGGGAGATGATTTATCTTTCARTCTC AATGGTTAAGGATTGAGGAAG']
3279	NM_000346.3(SOX9):c.517A>G (p.Lys173Glu)	6662	SOX9	['GCACAAGAAGGACCACCCGGATTACRAGT ACCAGCCGCGGCGGAGGAAGTC']
3280	NM_144596.3(TTC8):c.115-2A>G	123016	TTC8	['GTTTACTGCCTTCTTAATGCTTTCCRGGAA CCAGATCCTGAATTGCCAGTG']
3281	NM_000243.2(MEFV):c.2080A>G (p.Met694Val)	4210	MEFV	['GAATGGCTACTGGGTGGTGATAATGDTGA AGGAAAATGAGTACCAGGCGTC']
3282	NM_000243.2(MEFV):c.2084A>G (p.Lys695Arg)	4210	MEFV	['GGCTACTGGGTGGTGATAATGATGADGGA AAATGAGTACCAGGCGTCCAGC']
3283	NM_006493.2(CLN5):c.1121A>G (p.Tyr374Cys)	1203	CLN5	['GTGCACAAACAGTTCTATTTGTTTTRTAAT TTTGAATATTGGTTTTTACCT']
3284	NM_000483.4(APOC2):c.1A>G (p.Met1Val)	-1	-	['TCAATGTTCCAGGTCTCTGGACACTRTGGG CACACGACTCCTCCCAGCTCT']
3285	NM_058172.5(ANTXR2):c.1142A>G (p.Tyr381Cys)	118429	ANTXR2	['TGGCCAACTGTGGATGCTTCCTATTDTGGT GGTCGAGGGGTTGGAGGAATT']
3286	NM_001128085.1(ASPA):c.692A>G (p.Tyr231Cys)	-1	-	['TATAAAATTATAGAGAAAGTTGATTRCCCC CGGGATGAAAATGGAGAAATT']
3287	NM_001128085.1(ASPA):c.71A>G	-1	-	['ATCTTTGGAGGAACCCATGGGAATGRGCT

【表７－８】

	(p.Glu24Gly)			AACCGGAGTATTTCTGGTTAAG']
3288	NM_014365.2(HSPB8):c.421A>G (p.Lys141Glu)	26353	HSPB8	['TGGCATTGTTTCTAAGAACTTCACARAGAA AATCCAGTAAGTAACCTGGAG']
3289	NM_000391.3(TPP1):c.857A>G (p.Asn286Ser)	1200	TPP1	['CAGTACCTGATGAGTGCTGGTGCCARCATC TCCACCTGGGTCTACAGTAGC']
3290	NM_000391.3(TPP1):c.887-10A>G	1200	TPP1	['TGTCCCTCATGCCGGCCTGGATTTTYTTTTT TTTTTTTTTGAGGGATGGG']
3291	NM_182760.3(SUMF1):c.1A>G (p.Met1Val)	285362	SUMF1	['CGGGTCACATGGCCCGCGGGACAACRTGG CTGCGCCCGCACTAGGGCTGGT']
3292	NM_031443.3(CCM2):c.1A>G (p.Met1Val)	83605	CCM2	['GGCCGCGGGAGCCGCACGCGGCGATRTGG AAGAGGAGGGCAAGAAGGGCAA']
3293	NM_004183.3(BEST1):c.707A>G (p.Tyr236Cys)	7439	BEST1	['GACTGGATTAGTATCCCACTGGTGTRTACA CAGGTGAGGACTAGGCTGGTG']
3294	NM_004183.3(BEST1):c.680A>G (p.Tyr227Cys)	7439	BEST1	['ACTCAGTGTGGACACCTGTATGCCTRCGAC TGGATTAGTATCCCACTGGTG']
3295	NM_000158.3(GBE1):c.1634A>G (p.His545Arg)	2632	GBE1	['TGTAATGCAGGTAATGAATTTGGGCRTCCT GAATGGTTAGACTTCCCAAGA']
3296	NM_000158.3(GBE1):c.1883A>G (p.His628Arg)	2632	GBE1	['GGTCTTCTTTTCATTTTCAACTTCCRTCCAA GCAAGAGCTACACTGACTAC']
3297	NM_017890.4(VPS13B):c.8978A>G (p.Asn2993Ser)	157680	VPS13B	['CTTCTGCCCTGGGCCCTGCTTATCARTGAA TCCAAATGGGACCTCTGGCTA']
3298	NM_000019.3(ACAT1):c.278A>G (p.Asn93Ser)	38	ACAT1	['GAAGTGAAAGAAGCATACATGGGTARTGT TCTACAAGGAGGTGAAGGACAA']
3299	NM_173076.2(ABCA12):c.4139A>G (p.Asn1380Ser)	26154	ABCA12	['CATATTACTTCATTGCTGGGGCCCARTGGA GCTGGGAAAACTACTACCATG']
3300	NM_030665.3(RAI1):c.4685A>G (p.Gln1562Arg)	10743	RAI1	['AAGGGGCGTGCCAAGCGACGACGACRGCA GCAGGTGCTGCCCCTGGATCCC']
3301	NM_000271.4(NPC1):c.3467A>G (p.Asn1156Ser)	4864	NPC1	['AGTCTGAACGCTGTATCCTTGGTCARCCTG GTGATGGTGAGTCCTCATACA']
3302	NM_000271.4(NPC1):c.3263A>G (p.Tyr1088Cys)	4864	NPC1	['CCCTCCAGTGTGTTTTATGTCTTCTRCGAA CAGTACCTGACCATCATTGAC']
3303	NM_000543.4(SMPD1):c.1154A>G (p.Asn385Ser)	6609	SMPD1	['CTCCGCCTCATCTCTCTCAATATGARTTTTT GTTCCCGTGAGAACTTCTGG']
3304	NM_000226.3(KRT9):c.469A>G (p.Met157Val)	3857	KRT9	['TCTGACTGCTAATGAGAAGAGCACCRTGC AGGAACTCAATTCTCGGCTGGC']
3305	NM_000226.3(KRT9):c.482A>G (p.Asn161Ser)	3857	KRT9	['GAGAAGAGCACCATGCAGGAACTCADTTC TCGGCTGGCCTCTTACTTGGAT']
3306	NM_176824.2(BBS7):c.968A>G (p.His323Arg)	55212	BBS7	['ACAGGTCTGACAACAGAGCCCATTCRTAA GGAAAGTGGACCAGGAGAAGAA']
3307	NM_000051.3(ATM):c.3118A>G (p.Met1040Val)	472	ATM	['GAGGAAATATATATTCTCTGTAAGARTGG CCCTAGTAAATTGCCTTAAAAC']
3308	NM_000051.3(ATM):c.7268A>G (p.Glu2423Gly)	472	ATM	['GCTCTCCTGAAAAGAGCCAAAGAGGRAGT AGGTCTCCTTAGGGAACATAAA']
3309	NM_000051.3(ATM):c.8030A>G	-1	-	['TATTAGGTGGACCACACAGGAGAATRTGG

【表７－９】

	(p.Tyr2677Cys)			AAATCTGGTGACTATACAGTCA']
3310	NM_000487.5(ARSA):c.*96A>G	410	ARSA	['GAGGGGGTTTGTGCCTGATAACGTARTAA CACCAGTGGAGACTTGCAGATG']
3311	NM_000487.5(ARSA):c.1055A>G (p.Asn352Ser)	410	ARSA	['GCCCTGGCTGGGGCCCCACTGCCCARTGTC ACCTTGGATGGCTTTGACCTC']
3312	NM_000218.2(KCNQ1):c.418A>G (p.Ser140Gly)	3784	KCNQ1	['CATCGTCCTGGTCTGCCTCATCTTCRGCGT GCTGTCCACCATCGAGCAGTA']
3313	NM_172250.2(MMAA):c.620A>G (p.Tyr207Cys)	166785	MMAA	['GAGTTATCAAGAGATATGAATGCATRCAT CAGGCCATCTCCTACTAGAGGA']
3314	NM_000187.3(HGD):c.1112A>G (p.His371Arg)	3081	HGD	['AGTCTACACAGCACAATGACCCCCCRTGG ACCTGATGCTGACTGCTTTGAG']
3315	NM_000187.3(HGD):c.1102A>G (p.Met368Val)	3081	HGD	['AGGGGGAGGGAGTCTACACAGCACARTGA CCCCCCATGGACCTGATGCTGA']
3316	NM_138477.2(CDAN1):c.1796A>G (p.Asn599Ser)	146059	CDAN1	['CTGAGCTTGAAGATCCAGGAGCTCARTGG TCTTGCCCTGCCCCAGCATGAG']
3317	NM_001079802.1(FKTN):c.1112A>G (p.Tyr371Cys)	2218	FKTN	['GTAAAACTTGATGTTTTTTTCTTCTRTGAA GAAACTGATCACATGTGGAAT']
3318	NM_013382.5(POMT2):c.1997A>G (p.Tyr666Cys)	29954	POMT2	['GCTTGAGAAGAGCATGGCTGGGAAGYAGT GGTGGAAGTAGAGGACCCGGCC']
3319	NM_000529.2(MC2R):c.761A>G (p.Tyr254Cys)	4158	MC2R	['CCAAGTAACCCCTACTGCGCCTGCTRCATG TCTCTCTTCCAGGTGAACGGC']
3320	NM_000383.3(AIRE):c.247A>G (p.Lys83Glu)	326	AIRE	['CCTGGACTTCTGGAGGGTGCTGTTCRAGGA CTACAACCTGGAGCGCTATGG']
3321	NM_020436.3(SALL4):c.2663A>G (p.His888Arg)	57167	SALL4	['TCGTCTGCTAGCGCTCTTCAGATCCRCGAG CGGACTCACACTGGAGAGAAG']
3322	NM_203288.1(RP9):c.509A>G (p.Asp170Gly)	6100	RP9	['CAGTTACTGGAGGATTCTACCTCAGRTGAA GATAGGAGCAGCTCCAGTTCC']
3323	NM_000348.3(SRD5A2):c.692A>G (p.His231Arg)	6716	SRD5A2	['TTCCTTGGGCTGCGAGCTTTTCACCRCCAT AGGTAAATTTTTCAATAAAAG']
3324	NM_006445.3(PRPF8):c.6926A>G (p.His2309Arg)	10594	PRPF8	['CCCAAAGAGTTCTACCACGAGGTGCVCAG GCCCTCTCACTTCCTCAACTTT']
3325	NM_018319.3(TDP1):c.1478A>G (p.His493Arg)	55775	TDP1	['TCTGGCCGCAGCAATGCCATGCCACRTATT AAGACATATATGAGGCCTTCT']
3326	NM_144773.2(PROKR2):c.629A>G (p.Gln210Arg)	128674	PROKR2	['AGCCAGGAGAAGATCTTCTGTGGCCRGAT CTGGCCTGTGGATCAGCAGCTC']
3327	NM_001604.5(PAX6):c.1075-2A>G	5080	PAX6	['ACCACAGGTTTGCCTCTCTCCTCACRGCCC CCAGTCCCCAGCCAGACCTCC']
3328	NM_000280.4(PAX6):c.1171A>G (p.Thr391Ala)	5080	PAX6	['CAGTCAGCCAATGGGCACCTCGGGCRCCA CTTCAACAGGTGAGCCACTGCT']
3329	NM_024426.4(WT1):c.1391A>G (p.Asp464Gly)	7490	WT1	['TGTCAGCGAAAGTTCTCCCGGTCCGRCCAC CTGAAGACCCACACCAGGACT']
3330	NM_024426.4(WT1):c.1021A>G (p.Ser341Gly)	7490	WT1	['TTGCAGCCACAGCACAGGGTACGAGRGCG ATAACCACACAACGCCCATCCT']
3331	NM_005957.4(MTHFR):c.971A>G	4524	MTHFR	['CCAGGCCTCCACTTCTACACCCTCARCCGC

【表７－１０】

	(p.Asn324Ser)			GAGATGGCTACCACAGAGGTG']
3332	NM_001127328.2(ACADM):c.997A>G (p.Lys333Glu)	34	ACADM	['TAACTCATTCTAGCTAGTTCAACTTYCATTGCCATTTCAGCCAGCATAAAT']
3333	NM_001127328.2(ACADM):c.589A>G (p.Thr197Ala)	34	ACADM	['TATTAATGGTCAGAAGATGTGGATARCCAACGGAGGAAAAGCTAATTGGTA']
3334	NM_000155.3(GALT):c.940A>G (p.Asn314Asp)	2592	GALT	['AGGATCAGAGGCTGGGGCCAACTGGRACCATTGGCAGCTGCACGCTCATTA']
3335	NM_000155.3(GALT):c.563A>G (p.Gln188Arg)	2592	GALT	['TGTTCTAACCCCCACCCCCACTGCCRGGTAAGGGTGTCAGGGGCTCCAGTG']
3336	NM_000250.1(MPO):c.518A>G (p.Tyr173Cys)	4353	MPO	['GTTGCACATCCCGGTGATGGTGCGGYATTTGTCCTGCTCCGGGCAAGTCAC']
3337	NM_020247.4(ADCK3):c.1541A>G (p.Tyr514Cys)	56997	ADCK3	['TTGGATTTTGGGGCAACGCGGGAATRTGACAGATCCTTCACCGACCTCTAC']
3338	NM_000229.1(LCAT):c.463A>G (p.Asn155Asp)	3931	LCAT	['CACACTGGTGCAGAACCTGGTCAACRATGGCTACGTGCGGGACGAGACTGT']
3339	NM_000403.3(GALE):c.101A>G (p.Asn34Ser)	2582	GALE	['GGCTACTTGCCTGTGGTCATCGATARCTTCCATAATGCCTTCCGTGGTGAG']
3340	NM_001008216.1(GALE):c.308A>G (p.Asp103Gly)	2582	GALE	['GGCGAGTCGGTGCAGAAGCCTCTGGRTTATTACAGAGTTAACCTGACCGGG']
3341	NM_000403.3(GALE):c.770A>G (p.Lys257Arg)	2582	GALE	['AAGGGCCACATTGCAGCCTTAAGGARGCTGAAAGAACAGTGTGGCTGCCGG']
3342	NM_000527.4(LDLR):c.2483A>G (p.Tyr828Cys)	3949	LDLR	['AGCATCAACTTTGACAACCCCGTCTRTCAGAAGACCACAGAGGATGAGGTC']
3343	NM_024740.2(ALG9):c.860A>G (p.Tyr287Cys)	79796	ALG9	['ATTGCACCACTCAACATTGTTTTGTRTAATGTCTTTACTCCTCATGGACCT']
3344	NM_000375.2(UROS):c.184A>G (p.Thr62Ala)	7390	UROS	['TGAAGATTACGGGGGACTCATTTTTRCCAGCCCCAGAGCAGTGGAAGCAGC']
3345	NM_000372.4(TYR):c.125A>G (p.Asp42Gly)	7299	TYR	['GAATGCTGTCCACCGTGGAGCGGGGRCAGGAGTCCCTGTGGCCAGCTTTCA']
3346	NM_000372.4(TYR):c.1A>G (p.Met1Val)	7299	TYR	['AGACCTTGTGAGGACTAGAGGAAGARTGCTCCTGGCTGTTTTGTACTGCCT']
3347	NM_000053.3(ATP7B):c.3809A>G (p.Asn1270Ser)	540	ATP7B	['GTCGCCATGGTGGGGGATGGGGTCADTGACTCCCCGGCCTTGGCCCAGGCA']
3348	NM_000520.4(HEXA):c.1A>G (p.Met1Val)	3073	HEXA	['CTCCGAGAGGGGAGACCAGCGGGCCVTGACAAGCTCCAGGCTTTGGTTTTC']
3349	NM_000520.4(HEXA):c.611A>G (p.His204Arg)	3073	HEXA	['AATAAATTGAACGTGTTCCACTGGCRTCTGGTAGATGATCCTTCCTTCCCA']
3350	NM_000356.3(TCOF1):c.149A>G (p.Tyr50Cys)	6949	TCOF1	['CAGCCCGTAACCCTTCTGGACATCTRTACACACTGGCAACAGTAAGTGGTG']
3351	NM_000144.4(FXN):c.385-2A>G	2395	FXN	['ATGCTTTTTTTCCACCTAATCCCCTRGAGTGGTGTCTTAACTGTCAAACTG']
3352	NM_016335.4(PRODH):c.1562A>G (p.Gln521Arg)	5625	PRODH	['GCCTAGCAGCTGTCCAAAGTACACCYGGTGGTCAGCAGGATGCAGGCCCAG']
3353	NM_015474.3(SAMHD1):c.760A>	25939	SAMHD1	['TAATTCTAATGGAATTAAGCCTGTCRTGGA

【表７－１１】

	G (p.Met254Val)			ACAATATGGTCTCATCCCTGA']
3354	NM_012464.4(TLL1):c.1885A>G (p.Ile629Val)	7092	TLL1	['ACTTCTTACCAAACTTAACGGCACCRTAAC CACCCCTGGCTGGCCCAAGGA']
3355	NM_000112.3(SLC26A2):c.1273A >G (p.Asn425Asp)	1836	SLC26A2	['GGAAATGTATGCCATTGGCTTTTGTRATAT CATCCCTTCCTTCTTCCACTG']
3356	NM_138691.2(TMC1):c.1960A>G (p.Met654Val)	117531	TMC1	['CCTGTCCACAATGCCTGTCTTGTACRTGAT CGTGTCCCTCCCACCATCTTT']
3357	NM_000173.6(GP1BA):c.763A>G (p.Met255Val)	2811	GP1BA	['GAAGCAAGGTGTGGACGTCAAGGCCRTGA CCTCTAATGTGGCCAGTGTGCA']
3358	NM_024996.5(GFM1):c.521A>G (p.Asn174Ser)	85476	GFM1	['AACGTTCCGTTTCTAACTTTTATTARCAAA TTGGACCGAATGGGCTCCAAC']
3359	NM_024301.4(FKRP):c.926A>G (p.Tyr309Cys)	79147	FKRP	['GTGGGCGACACGCCCGCCTACCTCTRCGA GGAGCGCTGGACGCCCCCCTGC']
3360	NM_024301.4(FKRP):c.1387A>G (p.Asn463Asp)	79147	FKRP	['TGCCGGCTTCGTGGCGCAGGCGCCTRACA ACTACCGCCGCTTCCTGGAGCT']
3361	NM_021020.3(LZTS1):c.355A>G (p.Lys119Glu)	11178	LZTS1	['TCCTTTTCCTCTACAGGGCTCCGAGRAGGG TGCAGTGAGGCCCACAGCCTT']
3362	NM_001005741.2(GBA):c.1226A> G (p.Asn409Ser)	2629	GBA	['CCAGCCGACCACATGGTACAGGAGGBTCT AGGGTAAGGACAAAGGCAAAGA']
3363	NM_000157.3(GBA):c.680A>G (p.Asn227Ser)	2629	GBA	['ACATCACCCACTTGGCTCAAGACCARTGG AGCGGTGAATGGGAAGGGGTCA']
3364	NM_001005741.2(GBA):c.1049A> G (p.His350Arg)	2629	GBA	['AAATATGTTCATGGCATTGCTGTACRTTGG TACCTGGACTTTCTGGCTCCA']
3365	NM_014239.3(EIF2B2):c.638A>G (p.Glu213Gly)	8892	EIF2B2	['GTGAATTTGTCCAAAGCAGGTATTGRGAC AACTGTCATGACTGATGCTGCC']
3366	NM_015915.4(ATL1):c.773A>G (p.His258Arg)	51062	ATL1	['CTACAGAACGTCAGAAAACACATCCRTTC CTGTTTCACCAACATTTCCTGT']
3367	NM_015915.4(ATL1):c.1222A>G (p.Met408Val)	51062	ATL1	['GAAGCTATTCCGAGGGGTGAAGAAGRTGG GTGGGGAAGAATTTAGCCGGCG']
3368	NM_022051.2(EGLN1):c.1121A>G (p.His374Arg)	54583	EGLN1	['TTCTGGTCTGACCGTCGCAACCCTCRTGAA GTACAACCAGCATATGCTACA']
3369	NM_015629.3(PRPF31):c.527+3A> G	26121	PRPF31	['GTCACCGCCTCCACCACCCAGGGGTRTGTC CGCTTCGAGGGAGGCGCCGGG']
3370	NM_001243133.1(NLRP3):c.1880 A>G (p.Glu627Gly)	114548	NLRP3	['CTGCAGATCCAGCCCAGCCAGCTGGRATT GTTCTACTGTTTGTACGAGATG']
3371	NM_020919.3(ALS2):c.2980-2A>G	57679	ALS2	['CTTATTGACGTTACTTTTTGCTCCTRGACA AAGTGGCTACGAGCTATAAGC']
3372	NM_175073.2(APTX):c.602A>G (p.His201Arg)	54840	APTX	['GATAAATACCCAAAGGCCCGTTACCRTTG GCTGGTCTTACCGTGGACCTCC']
3373	NM_001002010.2(NT5C3A):c.686 A>G (p.Asn229Ser)	51251	NT5C3A	['CATCCCAATGTCAAAGTTGTGTCCARTTTT ATGGATTTTGATGAAACTGTA']
3374	NM_020451.2(SEPN1):c.1A>G (p.Met1Val)	57190	SEPN1	['CCGGCAGCCGCCGCCAGCCGCAGCCRTGG GCCGGGCCCGGCCGGGCCAACG']
3375	NM_032667.6(BSCL2):c.263A>G	-1	-	['TCACTCTGCTCCTTCCCTGTTGCCARTGTCT

【表７－１２】

	(p.Asn88Ser)			CGCTGACTAAGGGTGGACGT']
3376	NM_153638.2(PANK2):c.700A>G (p.Thr234Ala)	80025	PANK2	['GGTATATTTTGAACCCAAAGACATCRCTGC TGAAGAAGAAGAGGAAGAAGT']
3377	NM_025243.3(SLC19A3):c.1264A >G (p.Thr422Ala)	80704	SLC19A3	['TGCCTTGGTGATTCAGACCATCATGRCTGT GATTGTAGTAGATCAGAGAGG']
3378	NM_025243.3(SLC19A3):c.130A> G (p.Lys44Glu)	80704	SLC19A3	['TATCCCATATTTATCTGGACCAGATRAAAA CCTGACCAGTGCAGAGGTAAG']
3379	NM_031885.3(BBS2):c.209A>G (p.Asn70Ser)	583	BBS2	['CAGACAGCTGACTGCCTGGTTAATGYTGA GAAGAGAAACATCAGATTCCAG']
3380	NM_032383.4(HPS3):c.2482-2A>G	-1	-	['TTTATGAGAAATTCTTTTATGTTTTRGATA AATGCCTGTAGTCATTATGGC']
3381	NM_021830.4(C10orf2):c.955A>G (p.Lys319Glu)	56652	C10orf2	['TGACCTTCGGTCCTGGGAAGCCGCCVAGTT GTTTGCACGAAAACTGAACCC']
3382	NM_021830.4(C10orf2):c.1523A> G (p.Tyr508Cys)	56652	C10orf2	['ACAATGCAACATGCAGTCTACGTCTRTGAC ATTTGTCATGTGATCATCGAC']
3383	NM_006492.2(ALX3):c.608A>G (p.Asn203Ser)	257	ALX3	['ACCTGCCCCCAGGTCTGGTTCCAGARCCGC AGAGCCAAGTGGCGGAAGCGC']
3384	NM_174916.2(UBR1):c.407A>G (p.His136Arg)	197131	UBR1	['TTCCAGGACAGTGTTCATAAAAATCRTCGT TACAAGGTAAGAAAATATAAC']
3385	NM_015166.3(MLC1):c.422A>G (p.Asn141Ser)	23209	MLC1	['CTAGTCCTGAACCCATCAGCAATAARCGT GAGTTCACACGAGCTTCGCGCA']
3386	NM_013391.3(DMGDH):c.326A> G (p.His109Arg)	29958	DMGDH	['CCTGGAATAAACTTGAAGAAAATACRTTA TGATAGCATCAAACTTTATGAG']
3387	NM_014795.3(ZEB2):c.3356A>G (p.Gln1119Arg)	9839	ZEB2	['GCTTACTTGCAGAGCATTACCCCTCRGGGG TACTCTGACTCGGAGGAGAGG']
3388	NM_000441.1(SLC26A4):c.1151A >G (p.Glu384Gly)	5172	SLC26A4	['GTTGTCATCCAGTCTCTTCCTTAGGRATTC ATTGCCTTTGGGATCAGCAAC']
3389	NM_000441.1(SLC26A4):c.1105A >G (p.Lys369Glu)	5172	SLC26A4	['TTATGCTATTGCAGTGTCAGTAGGARAAGT ATATGCCACCAAGTATGATTA']
3390	NM_000441.1(SLC26A4):c.2168A >G (p.His723Arg)	5172	SLC26A4	['AAGGACACATTCTTTTTGACGGTCCRTGAT GCTATACTCTATCTACAGAAC']
3391	NM_000441.1(SLC26A4):c.919-2A>G	5172	SLC26A4	['TTTTTAACATCTTTTGTTTTATTTCRGACGA TAATTGCTACTGCCATTTCA']
3392	NM_000197.1(HSD17B3):c.703A> G (p.Met235Val)	3293	HSD17B3	['GACCCCATATGCTGTCTCGACTGCARTGAC AAAGTATCTAAATACAAATGT']
3393	NM_000197.1(HSD17B3):c.389A> G (p.Asn130Ser)	3293	HSD17B3	['TTGTTTTGCTTCTTTCTGCCAGTCARCAATG TCGGAATGCTTCCAAACCTT']
3394	NM_022458.3(LMBR1):c.423+525 2A>G	64327	LMBR1	['GTTTTGATCTTAGTGTTTATTACAGRAAAT GAAGCCATATCTCACTAACTA']
3395	NM_020366.3(RPGRIP1):c.3341A >G (p.Asp1114Gly)	57096	RPGRIP1	['CTAAATAAACATTTTCCTTATCAGGRTTCA GAGAAGATGTGCATTGAAATT']
3396	NM_021625.4(TRPV4):c.998A>G (p.Asp333Gly)	59341	TRPV4	['CTGCATGCGCTGGTGGCCATTGCTGRCAAC ACCCGTGAGAACACCAAGTTT']
3397	NM_004897.4(MINPP1):c.809A>G	9562	MINPP1	['TTAAAAAAAGTTGCAGCTACTTTGCRAGTG

【表７－１３】

	(p.Gln270Arg)			CCAGTAAATGATTTAAATGCA']
3398	NM_020638.2(FGF23):c.211A>G (p.Ser71Gly)	8074	FGF23	['TGGCGCACCCCATCAGACCATCTACRGTG AGTAGGGCTTCAGGCTGGGAAG']
3399	NM_015071.4(ARHGAP26):c.1250 A>G (p.Asn417Ser)	23092	ARHGAP26	['GGGCTGTATCGAATTGTGGGTGTCAVCTCC AGAGTGCAGAAGTTGCTGAGT']
3400	NM_021615.4(CHST6):c.521A>G (p.Lys174Arg)	4166	CHST6	['CGCTCCTACAGCCACGTGGTGCTCARGGA GGTGCGCTTCTTCAACCTGCAG']
3401	NM_021615.4(CHST6):c.329A>G (p.Tyr110Cys)	4166	CHST6	['TGCGACATGGACGTGTTTGATGCCTRTCTG CCTTGGCGCCGCAACCTGTCC']
3402	NM_015560.2(OPA1):c.1745A>G (p.Tyr582Cys)	4976	OPA1	['CTTGAAACTGAATGGAAGAATAACTRTCC TCGCCTGCGGGAACTTGACCGG']
3403	NM_000368.4(TSC1):c.1760A>G (p.Lys587Arg)	7248	TSC1	['AGTATCTTCACTCCCAGTCCTTGTARAATT CCACCTCCGACGAGAGTGGGC']
3404	NM_020661.2(AICDA):c.415A>G (p.Met139Val)	57379	AICDA	['CCGCGCCGGGGTGCAAATAGCCATCRTGA CCTTCAAAGGTGCGAAAGGGCC']
3405	NM_020533.2(MCOLN1):c.406-2A>G	57192	MCOLN1	['ACAGGCCCTCCCCTTCTCTGCCCACRGTAC CTGGCGTTGCCTGACGTGTCA']
3406	NM_021102.3(SPINT2):c.488A>G (p.Tyr163Cys)	10653	SPINT2	['AGGAACTCCTGCAATAACTTCATCTRTGGA GGCTGCCGGGGCAATAAGAAC']
3407 - 3410	NM_006610.3(MASP2):c.359A>G (p.Asp120Gly)	10747	MASP2	['GGGAGGGCTGGGGTTTCTCAGGGTCRGGG GGTCCCCAAGGAGTAGCCAGGG', 'AGGGGCCAGGCTTGGCCAGGAGGGASATC AGGCCTGGGTCTTGCCTTCACT', 'GGGCAGGAGAGCACAGACACGGAGCRGGC CCCTGGCAAGGACACTTTCTAC', 'AGCCTGGACATTACCTTCCGCTCCGRCTAC TCCAACGAGAAGCYGTTCACG']
3411	NM_018965.3(TREM2):c.401A>G (p.Asp134Gly)	54209	TREM2	['GCTCTGCCTCCCATAGACCCCCTGGRTCAC CGGGATGCTGGAGATCTCTGG']
3412	NM_007375.3(TARDBP):c.1009A >G (p.Met337Val)	23435	TARDBP	['AGCACTACAGAGCAGTTGGGGTATGRTGG GCATGTTAGCCAGCCAGCAGAA']
3413	NM_007375.3(TARDBP):c.506A>G (p.Asp169Gly)	23435	TARDBP	['GTAATGTCACAGCGACATATGATAGRTGG ACGATGGTGTGACTGCAAACTT']
3414	NM_007375.3(TARDBP):c.1028A >G (p.Gln343Arg)	23435	TARDBP	['GGTATGATGGGCATGTTAGCCAGCCRGCA GAACCAGTCAGGCCCATCGGGT']
3415	NM_007375.3(TARDBP):c.787A>G (p.Lys263Glu)	23435	TARDBP	['CGTTCATATATCCAATGCCGAACCTRAGCA CAATAGCAATAGACAGTTAGA']
3416	NM_015247.2(CYLD):c.2240A>G (p.Glu747Gly)	1540	CYLD	['ATCAACAGTAACCTGAAATTTGCAGRGGT TAGTGATACTCACCTGTGGTAT']
3417	NM_001128425.1(MUTYH):c.536 A>G (p.Tyr179Cys)	4595	MUTYH	['AATCAACTCTGGGCTGGCCTGGGCTRCTAT TCTCGTGGCCGGCGGCTGCAG']
3418	NM_001128425.1(MUTYH):c.1241 A>G (p.Gln414Arg)	4595	MUTYH	['TCCGTGACCTGGGAGCCCTCAGAGCRGCTT CAGCGCAAGGCCCTGCTGCAG']
3419	NM_170784.2(MKKS):c.110A>G	8195	MKKS	['TTGAAAAGAATTGTAACATCATGCTRTGGC

【表７－１４】

	(p.Tyr37Cys)			CCCTCAGGTAGGCTGAAGCAG']
3420	NM_170784.2(MKKS):c.169A>G (p.Thr57Ala)	8195	MKKS	['TGGCTTTGGAGGTTACGTGTGTACARCCTC ACAGTCCTCAGCTCTGCTCAG']
3421	NM_004795.3(KL):c.578A>G (p.His193Arg)	9365	KL	['GTGCAGCCCGTGGTCACCCTGTACCRCTGG GACCTGCCCCAGCGCCTGCAG']
3422	NM_014625.3(NPHS2):c.479A>G (p.Asp160Gly)	7827	NPHS2	['CTTTTCTTTTTTTTGCCCTGCCTGGRTACCT ACCACAAGGTTGACCTTCGT']
3423	NM_015713.4(RRM2B):c.322-2A>G	50484	RRM2B	['CACCTCCTGACTAAAGCGCTCCACCBAAG AAGATAAGGAAAATAGATATAT']
3424	NM_006343.2(MERTK):c.1605-2A>G	10461	MERTK	['GAAGTATCTTTGTTTTCATTCACCCRGGAA TGCATTCACAGAGGAGGATTC']
3425	NM_014585.5(SLC40A1):c.470A>G (p.Asp157Gly)	30061	SLC40A1	['GCTACTGCAATCACAATCCAAAGGGRTTG GATTGTTGTTGTTGCAGGAGAA']
3426	NM_004924.4(ACTN4):c.763A>G (p.Lys255Glu)	81	ACTN4	['CGTGAACACGGCCCGGCCCGACGAGRAGG CCATAATGACCTATGTGTCCAG']
3427	NM_012193.3(FZD4):c.1024A>G (p.Met342Val)	-1	-	['CAAATGGGGTCATGAAGCCATTGAARTGC ACAGCTCTTATTTCCACATTGC']
3428	NM_012193.3(FZD4):c.766A>G (p.Ile256Val)	-1	-	['GTTTTCCTACCCTGAGCGCCCCATCRTATT TCTCAGTATGTGCTATAATAT']
	NM_004239.3(TRIP11):c.202-2A>G	9321	TRIP11	
3429	NM_004239.3(TRIP11):c.2102A>G (p.Asn701Ser)	9321	TRIP11	['AGTGTTTTTTTCCAGAGAAAGCTGAYTGTT ACCAGCAAGACATTCTTCTAA']
3430	NM_012434.4(SLC17A5):c.548A>G (p.His183Arg)	26503	SLC17A5	['CAGGGTGTTACATTTCCAGCCATGCRTGCC ATGTGGTCTTCTTGGGCTCCC']
3431	NM_001099274.1(TINF2):c.838A>G (p.Lys280Glu)	26277	TINF2	['ATGGGCCTCCACTAGGGGAGGCCATDAGG AGCGCCCCACAGTCATGCTGTT']
3432	NM_012415.3(RAD54B):c.1778A>G (p.Asn593Ser)	25788	RAD54B	['AGAGTTGAACAAAAGGCAGGGGTGAYTGC ACAGTTTTTTAAGAGCTCCTAT']
3433	NM_014946.3(SPAST):c.1688-2A>G	6683	SPAST	['TAAGTGCCTGACTTTTATGTTTTACRGAAC TAAAACCAGAACAGGTGAAGA']
3434	NM_014946.3(SPAST):c.1322A>G (p.Asp441Gly)	6683	SPAST	['AGTCTTATACTTGTATTTCCTCTAGRTGAA GTTGATAGCCTTTTGTGTGAA']
3435	NM_014946.3(SPAST):c.1245+4A>G	6683	SPAST	['TGCAAGTTTAACTTCAAAATACGTGRGTGC TCTGTTTCCAATATTGTCGTA']
3436	NM_014946.3(SPAST):c.1157A>G (p.Asn386Ser)	6683	SPAST	['CTGTTACTCTTTGGTCCACCTGGGARTGGG AAGACAATGCTGGTAAGGGTT']
3437	NM_014946.3(SPAST):c.1216A>G (p.Ile406Val)	6683	SPAST	['AGAATCGAATGCAACCTTCTTTAATRTAAG TGCTGCAAGTTTAACTTCAAA']
3438	NM_182643.2(DLC1):c.2875A>G (p.Thr959Ala)	10395	DLC1	['ACACCTGGATGTGGACAACGACCGARCCA CACCCAGCGACCTGGACAGCAC']
3439	NM_194456.1(KRIT1):c.410A>G (p.Asp137Gly)	889	KRIT1	['TGCCCAATTTTTTACTGCTTACAAGRTATT ATGCGAGTCTGTAGTGAATCC']
3440	NM_005094.3(SLC27A4):c.899A>	10999	SLC27A4	['CCAGGAAACATCGTGGGAATCGGCCRGTG

【表７－１５】

	G (p.Gln300Arg)			CCTGCTGCATGGCATGACGGTG']
3441	NM_004211.3(SLC6A5):c.1472A>G (p.Tyr491Cys)	9152	SLC6A5	['GGAGGCCTGATCACTCTCTCTTCTTRCAACAAATTCCACAACAACTGCTAC']
3442	NM_004211.3(SLC6A5):c.1526A>G (p.Asn509Ser)	9152	SLC6A5	['GACACTCTAATTGTCACCTGCACCARCAGTGCCACAAGCATCTTTGCCGGC']
3443	NM_014270.4(SLC7A9):c.695A>G (p.Tyr232Cys)	11136	SLC7A9	['GCGTTTTACAATGGACTCTGGGCCTRTGATGGATGGTGAGGTGTCCTGAGA']
3444	NM_139025.4(ADAMTS13):c.1582A>G (p.Arg528Gly)	11093	ADAMTS13	['GAGCCTGTGTGTGTCGGGCAGCTGCRGGGTAGGCGTGTGTGGACATTGGCG']
3445	NM_002894.2(RBBP8):c.1009A>G (p.Lys337Glu)	5932	RBBP8	['TGTATTTGGAGCTACCTCTAGTATCRAAAGTGGTTTAGATTTGAATACAAG']
3446	NM_005682.6(ADGRG1):c.263A>G (p.Tyr88Cys)	9289	ADGRG1	['TCCTTCCCTGACCCCAGGGGCCTCTRCCACTTCTGCCTCTACTGGAACCGA']
3447	NM_006502.2(POLH):c.1603A>G (p.Lys535Glu)	5429	POLH	['AGGAACTGAGCCCTTCTTTAAGCAGRAAAGTCTGCTTCTAAAGCAGAAACA']
3448	NM_000334.4(SCN4A):c.4774A>G (p.Met1592Val)	6329	SCN4A	['CATCTCCTTCCTCATCGTGGTCAACRTGTACATCGCCATCATCCTGGAGAA']
3449	NM_000334.4(SCN4A):c.3478A>G (p.Ile1160Val)	6329	SCN4A	['CGCCCTCCTAGGCGCCATCCCCTCCRTCATGAATGTGCTGCTTGTCTGCCT']
3450	NM_000334.4(SCN4A):c.421A>G (p.Ile141Val)	6329	SCN4A	['GTTCAGCATGTTCATCATGATCACCRTCTTGACCAACTGCGTATTCATGAC']
3451	NM_003907.2(EIF2B5):c.271A>G (p.Thr91Ala)	8893	EIF2B5	['CCTGACTGCCACAGGTGTACAGGAARCATTTGTCTTTTGTTGCTGGAAAGC']
3452	NM_001128227.2(GNE):c.604A>G (p.Met202Val)	10020	GNE	['CAGTGCAGAGCAGCACCTGATATCCRTGTGTGAGGACCATGATCGCATCCT']
3453	NM_001029.3(RPS26):c.1A>G (p.Met1Val)	6231	RPS26	['CCTCTCTCCGGTCCGTGCCTCCAAGDTGGTGAGTCTTCTTGCGTGGTGAGG']
3454	NM_012082.3(ZFPM2):c.1969A>G (p.Ser657Gly)	-1	-	['TCAAACTAAGAAGCTCTCCACCTCCRGTAACAATGATGACAAAATTAATGG']
3455	NM_012082.3(ZFPM2):c.89A>G (p.Glu30Gly)	23414	ZFPM2	['GATGAGGAAGAAGAATGTCCATCAGRGGAAACAGACATCATCTCCAAAGGA']
3456	NM_012082.3(ZFPM2):c.2527A>G (p.Thr843Ala)	-1	-	['AAAGTGTTTATCTCAGTCTGAGCGGRCGACCACGTCTCCCAAAAGGCTGCT']
3457	NM_194248.2(OTOF):c.766-2A>G	9381	OTOF	['TCTGGCTCCCCCTTCTCCTGCCTGCRGGTCAGCATCACGGTGATCGAGGCC']
3458	NM_003705.4(SLC25A12):c.1769A>G (p.Gln590Arg)	8604	SLC25A12	['GCTCGAGTGTTTCGATCCTCTCCCCRGTTTGGTGTTACCTTGGTCACTTAT']
3459	NM_004621.5(TRPC6):c.428A>G (p.Asn143Ser)	7225	TRPC6	['AATGCCCTACAGTTGGCAGTGGCCARTGAGCATCTGGAAATTACAGAACTT']
3460	NM_152384.2(BBS5):c.522+3A>G	129880	BBS5	['TTTGGAATTTATCCAGTGATCAGGTRTTGTGCAAAGAGCTAGTGAACCTTT']
3461	NM_152384.2(BBS5):c.547A>G (p.Thr183Ala)	129880	BBS5	['GGGCAATTTAGGAACCTTTTTTATTRCCAATGTGAGAATTGTGTGGCATGC']
3462	NM_001257342.1(BCS1L):c.232A	617	BCS1L	['CCACAGTACCCGTACTCAGCACCTCRGTGT

【表７－１６】

	>G (p.Ser78Gly)			CGAGACTTCGTACCTTCAGCA']
3463	NM_004328.4(BCS1L):c.148A>G (p.Thr50Ala)	617	BCS1L	['GGCATTCCGGCGCCATTACATGATCRCACT GGAAGTCCCTGCTCGAGACAG']
3464	NM_003839.3(TNFRSF11A):c.508 A>G (p.Arg170Gly)	8792	TNFRSF11 A	['TGCCTTTTCCTCCACGGACAAATGCRGACC CTGGACCAAGTAAGTAACAAC']
3465	NM_030761.4(WNT4):c.647A>G (p.Glu216Gly)	54361	WNT4	['TGCCACGGGGTGTCAGGCTCCTGTGRGGT AAAGACGTGCTGGCGAGCCGTG']
3466	NM_022817.2(PER2):c.1984A>G (p.Ser662Gly)	8864	PER2	['GCTGGCACTGCCGGGCAAGGCAGAGRGTG TGGCGTCGCTCACCAGCCAGTG']
3467	NM_002977.3(SCN9A):c.1964A>G (p.Lys655Arg)	-1	-	['TAGGGCACGACCAATCAAATACACARGAA AAGGCGTTGTAGTTCCTATCTC']
3468	NM_002977.3(SCN9A):c.184A>G (p.Ile62Val)	6335	SCN9A	['GGAAGCTGGCAAACAGCTGCCCTTCRTCT ATGGGGACATTCCTCCCGGCAT']
3469	NM_002977.3(SCN9A):c.29A>G (p.Gln10Arg)	6335	SCN9A	['GCAATGTTGCCTCCCCCAGGACCTCRGAGC TTTGTCCATTTCACAAAACAG']
3470	NM_001457.3(FLNB):c.604A>G (p.Met202Val)	2317	FLNB	['GCCTGTGGATAATGCACGAGAAGCCRTGC AGCAGGCAGATGACTGGCTGGG']
3471	NM_003060.3(SLC22A5):c.632A> G (p.Tyr211Cys)	6584	SLC22A5	['GTAGGCATGGGCCAGATCTCCAACTRTGT GGCAGCATTTGTCCTGGGTATG']
3472	NM_000369.2(TSHR):c.1856A>G (p.Asp619Gly)	7253	TSHR	['CCGCAGTACAACCCAGGGGACAAAGRTAC CAAAATTGCCAAGAGGATGGCT']
3473	NM_000369.2(TSHR):c.548A>G (p.Lys183Arg)	7253	TSHR	['TCTCTTCTCTCTGTTGGTTGTAGGARGCTG TACAACAATGGCTTTACTTCA']
3474	NM_001430.4(EPAS1):c.1603A>G (p.Met535Val)	2034	EPAS1	['GGAGACACTGGCACCCTATATCCCCRTGG ACGGGGAAGACTTCCAGCTAAG']
3475	NM_024009.2(GJB3):c.421A>G (p.Ile141Val)	2707	GJB3	['GTTCAGCCTCATCTTCAAGCTCATCRTTGA GTTCCTCTTCCTCTACCTGCT']
3476	NM_024009.2(GJB3):c.497A>G (p.Asn166Ser)	2707	GJB3	['ATGCCGCGCCTGGTGCAGTGTGCCADCGT GGCCCCCTGCCCCAACATCGTG']
3477	NM_001080463.1(DYNC2H1):c.11 284A>G (p.Met3762Val)	79659	DYNC2H1	['TGTTTTTTTGCTTTTGTAGGTTGCCRTGGGT CAAGGTCAAGCTGATTTAGC']
3478	NM_001080463.1(DYNC2H1):c.90 44A>G (p.Asp3015Gly)	79659	DYNC2H1	['CGCATGCCACCTGATGTAATTAGAGRTATT CTTGAAGGAGTTTTAAGGTTG']
3479	NM_001080463.1(DYNC2H1):c.46 10A>G (p.Gln1537Arg)	79659	DYNC2H1	['GTTGACCCATCTCTGTTCCCTTCACRGGTA AGGGGGCTTACGTGTAGAAGC']
3480	NM_001080463.1(DYNC2H1):c.59 59A>G (p.Thr1987Ala)	79659	DYNC2H1	['TGGTCCAAGTGGTGCTGGAAAATCARCGC TTTGGAGAATGTTAAGGGCTGC']
3481	NM_007035.3(KERA):c.740A>G (p.Asn247Ser)	11081	KERA	['GTGGCCTTTTTGAGACTAAATCACARCAAA CTGTCAGATGAGGGTCTCCCA']
3482	NM_003722.4(TP63):c.697A>G (p.Lys233Glu)	8626	TP63	['TATCCGCGCCATGCCTGTCTACAAARAAGC TGAGCACGTCACGGAGGTGGT']
3483	NM_003722.4(TP63):c.1052A>G (p.Asp351Gly)	8626	TP63	['CGGATCTGTGCTTGCCCAGGAAGAGRCAG GAAGGCGGATGAAGATAGCATC']
3484	NM_003722.4(TP63):c.1054A>G	8626	TP63	['GATCTGTGCTTGCCCAGGAAGAGACRGGA

【表７－１７】

	(p.Arg352Gly)			AGGCGGATGAAGATAGCATCAG']
3485	NM_003742.2(ABCB11):c.890A>G (p.Glu297Gly)	8647	ABCB11	['AGAACAGTGGCTGCTTTTGGTGGTGRGAAAAGAGAGGTTGAAAGGTTGGTT']
3486	NM_006702.4(PNPLA6):c.3034A>G (p.Met1012Val)	10908	PNPLA6	['GGACCTCACGTACCCAGTCACCTCCRTGTTCACTGGGTCTGCCTTTAACCG']
3487	NM_006412.3(AGPAT2):c.589-2A>G	10555	AGPAT2	['GTACACCACGGGGACGATGGGCACCYGCAGGCAGGGAGACGCACAGCTGAG']
3488	NM_001084.4(PLOD3):c.668A>G (p.Asn223Ser)	8985	PLOD3	['AAGTCTCGGATCTTTCAGAACCTCARCGGGGCTTTAGGTGAGGAGGAAGAC']
3489	NM_138554.4(TLR4):c.896A>G (p.Asp299Gly)	7099	TLR4	['GCATACTTAGACTACTACCTCGATGRTATTATTGACTTATTTAATTGTTTG']
3490	NM_001130978.1(DYSF):c.3892A>G (p.Ile1298Val)	8291	DYSF	['GGGCCAGGTGCAGGAGACATCAAGGRTCCTGGATGAGGTGAGCTGGGCGTG']
3491	NM_001130978.1(DYSF):c.5264A>G (p.Glu1755Gly)	8291	DYSF	['CTTTTTTGTCTTCTCTCTGGGGCAGRGGCTGGCAGGATCCCAAACCCACAC']
3492	NM_003494.3(DYSF):c.3443-33A>G	8291	DYSF	['CAGCTCTTAACCACTCCAGCCACTCRCTCTGGCACCTCTGTTTTTTCCCTT']
3493	NM_003494.3(DYSF):c.1285-2A>G	8291	DYSF	['AACTTGTCCCCTCCCTGTGTCTTCTRGCTGTGCAGCAAGATCTTGGAGAAG']
3494	NM_005450.4(NOG):c.665A>G (p.Tyr222Cys)	9241	NOG	['CGCTGCGGCTGGATTCCCATCCAGTRCCCCATCATTTCCGAGTGCAAGTGC']
3495	NM_004629.1(FANCG):c.925-2A>G	2189	FANCG	['GATACAATTTTTTTCTTTCTCTTTTRGGCCTTGAATGTCCCATGCAGTTCC']
3496	NM_001701.3(BAAT):c.226A>G (p.Met76Val)	570	BAAT	['AGGGGATTATATGGGAGTCCACCCCRTGGGTCTCTTCTGGTCTCTGAAACC']
3497	NM_006892.3(DNMT3B):c.2450A>G (p.Asp817Gly)	1789	DNMT3B	['TTTGGCTTTCCTGTGCACTACACAGRCGTGTCCAACATGGGCCGTGGTGCC']
3498	NM_001360.2(DHCR7):c.839A>G (p.Tyr280Cys)	1717	DHCR7	['GCTGCTTCTGTCTTGCAGGCCATCTRCGTGATTGACTTCTTCTGGAACGAA']
3499	NM_001360.2(DHCR7):c.1A>G (p.Met1Val)	1717	DHCR7	['AAGGTTCTCTTTCTTGCAGGGCCCARTGGCTGCAAAATCGCAACCCAACAT']
3500	NM_032119.3(ADGRV1):c.18131A>G (p.Tyr6044Cys)	84059	ADGRV1	['TATCATCAGAGCATGTCACAGATCTRTGGACTCATTCATGGTGACCTGTAA']
3501	NM_004984.2(KIF5A):c.767A>G (p.Asn256Ser)	3798	KIF5A	['GTGCTGGACGAGGCAAAGAATATCARCAAGTCACTGTCAGCTCTGGGCAAT']
3502	NM_004984.2(KIF5A):c.827A>G (p.Tyr276Cys)	3798	KIF5A	['GTCTCCTTCCTCCCCCAGAAAAGCTRTGTTCCATATCGTGACAGCAAAATG']
3503	NM_007373.3(SHOC2):c.4A>G (p.Ser2Gly)	8036	SHOC2	['TTTTGTCCAGGCTTGAGTCACCATGRGTAGTAGTTTAGGAAAAGAAAAAGA']
3504	NM_016203.3(PRKAG2):c.1148A>G (p.His383Arg)	51422	PRKAG2	['TACTCCTTGATCAAAAATAAAATCCRCAGATTGCCCGTTATTGACCCTATC']
3505	NM_016203.3(PRKAG2):c.1589A>G (p.His530Arg)	51422	PRKAG2	['GTCCTGCTTTTCTCTTTGCAGGTCCRTCGGCTGGTGGTGGTAAATGAAGCA']
3506	NM_003816.2(ADAM9):c.411-	8754	ADAM9	['TTAAAATTTGTATACGTGTAATGCARCATT

【表７－１８】

	8A>G			CAGAGGATTGCTGCATTTAGA']
3507	NM_003002.3(SDHD):c.341A>G (p.Tyr114Cys)	6392	SDHD	['GGCCTTGGACAAGTTGTTACTGACTRTGTT CATGGGGATGCCTTGCAGAAA']
3508	NM_003002.3(SDHD):c.149A>G (p.His50Arg)	6392	SDHD	['GAATGGTGTGGAGTGCAGCACATACRCTT GTCACCGAGCCACCATTGTATG']
3509	NM_003002.3(SDHD):c.1A>G (p.Met1Val)	6392	SDHD	['ATGACCTTGAGCCCTCAGGAACGAGDTGG CGGTTCTCTGGAGGCTGAGTGC']
3510	NM_002485.4(NBN):c.511A>G (p.Ile171Val)	4683	NBN	['TCAGTAAAATATTCTGGCTTTACAAYTGGA CGTCCACAAATGAGTGCACAT']
3511	NM_170695.3(TGIF1):c.838A>G (p.Thr280Ala)	7050	TGIF1	['TTCCTGTACAGCTGGGCCAAACCCARCCCT AGGGAGGCCACTGTCTCCTAA']
3512	NM_002408.3(MGAT2):c.785A>G (p.His262Arg)	4247	MGAT2	['CTTATACTTTTCCTAGAAGAGGATCRCTAC TTAGCCCCAGACTTTTACCAT']
3513	NM_002408.3(MGAT2):c.952A>G (p.Asn318Asp)	4247	MGAT2	['GAAAACTTGGAAATCCACAGAGCACRATA TGGGTCTAGCCTTGACCCGGAA']
3514	NM_005422.2(TECTA):c.5609A>G (p.Tyr1870Cys)	7007	TECTA	['CAGTCCAATGGCACGCATATCATGTRTAA AAACACACTCTGGATCGAAAGC']
3515	NM_012233.2(RAB3GAP1):c.649-2A>G	22930	RAB3GAP1	['GGTATTGTCTTTGCATGTATTTCCTRGGGA TGTCCTTTAACTCCATTGCCT']
3516	NM_005025.4(SERPINI1):c.1013A>G (p.His338Arg)	5274	SERPINI1	['GAGATTTTTCTTTCCAAAGCAATTCRCAAG TCCTTCCTAGAGGTTAATGAA']
3517	NM_001040667.2(HSF4):c.256A>G (p.Ile86Val)	3299	HSF4	['AGACGGTTTTCGGAAGGTGGTGAGCRTCG AGCAGGGCGGCCTGCTTAGGCC']
3518	NM_001008211.1(OPTN):c.1433A>G (p.Glu478Gly)	10133	OPTN	['GTTTACTGTTCTGATTTTCATGCTGRAAGA GCAGCGAGAGAGAAAATTCAT']
3519	NM_000492.3(CFTR):c.2738A>G (p.Tyr913Cys)	1080	CFTR	['GTGATTATCACCAGCACCAGTTCGTRTTAT GTGTTTTACATTTACGTGGGA']
3520	NM_000492.3(CFTR):c.3717+4A>G	1080	CFTR	['CTCAATAAGTCCTGGCCAGAGGGTGRGAT TTGAACACTGCTTGCTTTGTTA']
3521	NM_000492.3(CFTR):c.1666A>G (p.Ile556Val)	1080	CFTR	['ACTGAGTGGAGGTCAACGAGCAAGARTTT CTTTAGCAAGGTGAATAACTAA']
3522	NM_000492.3(CFTR):c.326A>G (p.Tyr109Cys)	1080	CFTR	['TTACTGGGAAGAATCATAGCTTCCTRTGAC CCGGATAACAAGGAGGAACGC']
3523	NM_000492.3(CFTR):c.273+4A>G	1080	CFTR	['TGGAATCTTTTTATATTTAGGGGTARGGAT CTCATTTGTACATTCATTATG']
3524	NM_000492.3(CFTR):c.3254A>G (p.His1085Arg)	1080	CFTR	['CTGTTCCACAAAGCTCTGAATTTACRTACT GCCAACTGGTTCTTGTACCTG']
3525	NM_000492.3(CFTR):c.3700A>G (p.Ile1234Val)	1080	CFTR	['CATATTAGAGAACATTTCCTTCTCANTAAG TCCTGGCCAGAGGGTGAGATT']
3526	NM_000492.3(CFTR):c.650A>G (p.Glu217Gly)	1080	CFTR	['GCACTCCTCATGGGGCTAATCTGGGRGTTG TTACAGGCGTCTGCCTTCTGT']
3527	NM_001005360.2(DNM2):c.1684A>G (p.Lys562Glu)	1785	DNM2	['CCTCCACCCTCAGGAGAAAGAGAAGRAGT ACATGCTGCCTCTGGACAACCT']
3528	NM_001814.4(CTSC):c.857A>G	1075	CTSC	['TCTCAGACCCCAATCCTAAGCCCTCRGGAG

【表７－１９】

	(p.Gln286Arg)			GTTGTGTCTTGTAGCCAGTAT']
3529	NM_001814.4(CTSC):c.1235A>G (p.Tyr412Cys)	1075	CTSC	['AATCATGCTGTTCTGCTTGTGGGCTRTGGC ACTGACTCAGCCTCTGGGATG']
3530	NM_001814.4(CTSC):c.1040A>G (p.Tyr347Cys)	1075	CTSC	['CGTTATTACTCCTCTGAGTACCACTRTGTA GGAGGTTTCTATGGAGGCTGC']
3531	NM_005144.4(HR):c.-218A>G	55806	HR	['TCCGACCCCTCCAACCTGCGGCCCTRGAGC GCCCCCGCCGCCCCGGGGGAA']
3532	NM_172107.2(KCNQ2):c.851A>G (p.Tyr284Cys)	3785	KCNQ2	['ACCACCATTGGCTACGGGGACAAGTRCCC CCAGACCTGGAACGGCAGGCTC']
3533	NM_001303.3(COX10):c.1007A>G (p.Asp336Gly)	1352	COX10	['GCCCTGAGCTGGGGCCTCCGTGAAGDCTA CTCCCGGGGCGGCTACTGCATG']
3534	NM_006214.3(PHYH):c.135-2A>G	5264	PHYH	['AGAACGTTATTATCCAGAGTATACCYAAA GGAGAAAAAGAATCCCAAAATA']
3535	NM_002284.3(KRT86):c.340A>G (p.Asn114Asp)	-1	-	['GGAGAAGGAGCAGATCAAGTCCCTCVACA GCAGGTTCGCGGCCTTCATCGA']
3536	NM_003865.2(HESX1):c.541A>G (p.Thr181Ala)	8820	HESX1	['TCTAATGGCGAAAAAAAATTTCAACRCAA ATCTGCTGGAATAGATAGAAAA']
3537	NM_000303.2(PMM2):c.563A>G (p.Asp188Gly)	5373	PMM2	['TTTGATGTCTTTCCTGATGGATGGGRCAAG AGATACTGTCTGCGACATGTG']
3538	NM_000288.3(PEX7):c.340-10A>G	5191	PEX7	['TCTTTTGCTTTCTAAACACTTTTCARTGTTT TTAGGTGTATAGTGTTGATT']
3539	NM_004044.6(ATIC):c.1277A>G (p.Lys426Arg)	471	ATIC	['CTCATCGTAGCCACCATTGCTGTCARGTAC ACTCAGTCTAACTCTGTGTGC']
3540	NM_000314.6(PTEN):c.368A>G (p.His123Arg)	5728	PTEN	['GATGACAATCATGTTGCAGCAATTCRCTGT AAAGCTGGAAAGGGACGAACT']
3541	NM_000314.6(PTEN):c.278A>G (p.His93Arg)	5728	PTEN	['GTTGCACAATATCCTTTTGAAGACCRTAAC CCACCACAGCTAGAACTTATC']
3542	NM_000314.6(PTEN):c.755A>G (p.Asp252Gly)	5728	PTEN	['CCTCAGCCGTTACCTGTGTGTGGTGRTATC AAAGTAGAGTTCTTCCACAAA']
3543	NM_018488.2(TBX4):c.1592A>G (p.Gln531Arg)	9496	TBX4	['TCCTTGTCCCGAGAATCTTCCTTACRGTAC CATTCAGGAATGGGGACTGTG']
3544	NM_000223.3(KRT12):c.403A>G (p.Arg135Gly)	3859	KRT12	['AGAAACTATGCAAAATCTTAATGATRGAT TAGCTTCCTACCTGGATAAGGT']
3545	NM_000503.5(EYA1):c.1639A>G (p.Arg547Gly)	2138	EYA1	['TGAGAGAATAATTCAAAGGTTTGGARGAA AAGTGGTGTATGTTGTTATAGG']
3546	NM_000261.1(MYOC):c.1010A>G (p.Gln337Arg)	4653	MYOC	['GTGTACTCGGGGAGCCTCTATTTCCRGGGC GCTGAGTCCAGAACTGTCATA']
3547	NM_000261.1(MYOC):c.1267A>G (p.Lys423Glu)	4653	MYOC	['ACAAACCTGGGAGACAAACATCCGTRAGC AGTCAGTCGCCAATGCCTTCAT']
3548	NM_000474.3(TWIST1):c.466A>G (p.Ile156Val)	7291	TWIST1	['GACCCTCAAGCTGGCGGCCAGGTACRTCG ACTTCCTCTACCAGGTCCTCCA']
3549	NM_001089.2(ABCA3):c.1702A>G (p.Asn568Asp)	21	ABCA3	['ACAGATCACCGTCCTGCTGGGCCACRACG GTGCCGGGAAGACCACCACCCT']
3550	NM_005055.4(RAPSN):c.-210A>G	5913	RAPSN	['ATTCCTCAGAGGCCATGTGGCCCCARCTGG

【表７－２０】

				CAGCGACAGCTGCAGACGGGC']
3551	NM_198217.2(ING1):c.515A>G (p.Asn172Ser)	3621	ING1	['AACGAACCCACGTACTGTCTGTGCARCCA GGTCTCCTATGGGGAGATGATC']
3552	NM_000430.3(PAFAH1B1):c.446A >G (p.His149Arg)	5048	PAFAH1B 1	['GATTTTGAACGAACTCTTAAAGGACRTAC AGACTCTGTACAGGACATTTCA']
3553	NM_000579.3(CCR5):c.-301+246A>G	-1	-	['TACGGGGAGAGTGGAGAAAAAGGGGRCA CAGGGTTAATGTGAAGTCCAGGA']
3554	NM_000264.3(PTCH1):c.2479A>G (p.Ser827Gly)	-1	-	['ACTTTACGACCTACACAGGAGTTTCRGTAA CGTGAAGTATGTCATGTTGGA']
3555	NM_001184.3(ATR):c.2022A>G (p.Gly674=)	545	ATR	['TCTGCTGCTGCAATAAGATAAAAAAYCCA CTAACACAACTAGCCCGGATTA']
3556	NM_005982.3(SIX1):c.386A>G (p.Tyr129Cys)	6495	SIX1	['ATCTGGGACGGCGAGGAGACCAGCTRCTG CTTCAAGGAGAAGTCGAGGGGT']
3557	NM_006267.4(RANBP2):c.1966A> G (p.Ile656Val)	5903	RANBP2	['AGAAGACGCACACATAACTTTTGCTRTATT GGATGCAGTAAATGGAAATAT']
3558	NM_001001557.2(GDF6):c.1271A >G (p.Lys424Arg)	392255	GDF6	['CCGCCCAGCTGCTGCGTGCCCACCARATTG ACTCCCATCAGCATTCTATAC']
3559	NM_000557.4(GDF5):c.517A>G (p.Met173Val)	8200	GDF5	['ACCCCCCATCACACCCCACGAGTACVTGCT CTCGCTGTACAGGACGCTGTC']
3560	NM_000392.4(ABCC2):c.4145A> G (p.Gln1382Arg)	1244	ABCC2	['CGAGAGAAGCTGACCATCATCCCCCRGGT GAGCTCTAGAACTTACTCGGGC']
3561	NM_000396.3(CTSK):c.990A>G (p.Ter330Trp)	1513	CTSK	['ACCTGGCCAGCTTCCCCAAGATGTGRCTCC AGCCAGCCAAATCCATCCTGC']
3562	NM_001127221.1(CACNA1A):c.4 151A>G (p.Tyr1384Cys)	773	CACNA1A	['AACGTCTTCAACATCCTCATCGTCTRCATG CTATTCATGTTCATCTTCGCC']
3563	NM_000178.2(GSS):c.656A>G (p.Asp219Gly)	2937	GSS	['CAAGAGAAGGAAAGAAACATATTTGRCCA GCGTGCCATAGAGAATGAGCTA']
3564	NM_000901.4(NR3C2):c.2327A>G (p.Gln776Arg)	4306	NR3C2	['ACGCTCAACCGCTTAGCAGGCAAACRGAT GATCCAAGTCGTGAAGTGGGCA']
3565	NM_000901.4(NR3C2):c.2915A>G (p.Glu972Gly)	4306	NR3C2	['ATCAGCGACCAGCTGCCCAAGGTGGRGTC GGGGAACGCCAAGCCGCTCTAC']
3566	NM_004407.3(DMP1):c.1A>G (p.Met1Val)	1758	DMP1	['CCAGGTAGAGGTATCACACCCAACTRTGA AGATCAGCATCCTGCTCATGTT']
3567	NM_004999.3(MYO6):c.737A>G (p.His246Arg)	4646	MYO6	['CAAGGCAAAGAGGAAAGAAATTATCRTAT CTTTTATAGGTTGTGTGCTGGT']
3568	NM_000256.3(MYBPC3):c.175A> G (p.Thr59Ala)	4607	MYBPC3	['CGCCAGCAACAAGTACGGCCTGGCCRCAG AGGGCACACGGCATACGCTGAC']
3569	NM_000163.4(GHR):c.594A>G (p.Glu198=)	2690	GHR	['TGGAGTATGAACTTCAATACAAAGARGTA AATGAAACTAAATGGAAAATGG']
3570	NM_000525.3(KCNJ11):c.509A>G (p.Lys170Arg)	3767	KCNJ11	['ATCATGCTTGGCTGCATCTTCATGARGACT GCCCAAGCCCACCGCAGGGCT']
3571	NM_000525.3(KCNJ11):c.776A>G (p.His259Arg)	3767	KCNJ11	['CTGGTGGCCCCGCTGATCATCTACCRTGTC ATTGATGCCAACAGCCCACTC']
3572	NM_000182.4(HADHA):c.180+3A	3030	HADHA	['GAAAAAAACTGCAAATTAAATGAGAYACC

【表７－２１】

	>G			TTTGAATTGGGAGAGTTAATTC']
3573	NM_005263.3(GFI1):c.1145A>G (p.Asn382Ser)	2672	GFI1	['GGCAAGGCATTCAGCCAGAGCTCCARCCT CATCACCCACAGCCGCAAACAC']
3574	NM_005263.3(GFI1):c.1208A>G (p.Lys403Arg)	2672	GFI1	['CCCTTCGGCTGCGACCTCTGTGGGARGGGT TTCCAGAGGAAGGTGGACCTC']
3575	NM_001893.4(CSNK1D):c.130A>G (p.Thr44Ala)	1453	CSNK1D	['TGCCATCAAGCTTGAATGTGTCAAARCCA AACACCCTCAGCTCCACATTGA']
3576	NM_006204.3(PDE6C):c.1363A>G (p.Met455Val)	5146	PDE6C	['AAACAGAAAGGACATTGCTCAGGAARTGC TCATGAACCAAACCAAAGCCAC']
3577	NM_006204.3(PDE6C):c.1483-2A>G	5146	PDE6C	['TGAAACAACCCATCCTTATTTCAACRGAAA GAGGACTTGCCAGACCCACGC']
3578	NM_003476.4(CSRP3):c.206A>G (p.Lys69Arg)	8048	CSRP3	['TGCTATGGGCGCAGATATGGCCCCARAGG GATCGGGTATGGACAAGGCGCT']
3579	NM_005591.3(MRE11A):c.350A>G (p.Asn117Ser)	4361	MRE11A	['GTGAACTATCAAGATGGCAACCTCARCAT TTCAATTCCAGTGTTTAGTATT']
3580	NM_000107.2(DDB2):c.730A>G (p.Lys244Glu)	1643	DDB2	['TTGGAATCTCAGAATGCACAAAAAGRAAG TGACGCATGTGGCCCTGAACCC']
3581	NM_001204.6(BMPR2):c.1454A>G (p.Asp485Gly)	659	BMPR2	['AAGGAGACAATCGAAGACTGTTGGGRCCA GGATGCAGAGGCTCGGCTTACT']
3582	NM_000336.2(SCNN1B):c.863A>G (p.Asn288Ser)	6338	SCNN1B	['ACAGAGAAGGCACTTCCTTCGGCCARCCC TGGAACTGAATTCGGTGAGTTT']
3583	NM_000447.2(PSEN2):c.715A>G (p.Met239Val)	5664	PSEN2	['CTACCTCATCATGATCAGTGCGCTCRTGGC CCTAGTGTTCATCAAGTACCT']
3584	NM_002181.3(IHH):c.284A>G (p.Glu95Gly)	3549	IHH	['CCAGACATCATCTTCAAGGACGAGGRGAA CACAGGCGCCGACCGCCTCATG']
3585	NM_000310.3(PPT1):c.236A>G (p.Asp79Gly)	5538	PPT1	['ACTTCTCTCTGGCTTCTTTTTTAGGRCGTGG AGAACAGCTTCTTCTTGAAT']
3586	NM_003051.3(SLC16A1):c.610A>G (p.Lys204Glu)	6566	SLC16A1	['GCGACCAATCGGGCCCAAGCCAACCRAGG CAGGGAAAGATAAGTCTAAAGC']
3587	NM_005587.2(MEF2A):c.788A>G (p.Asn263Ser)	4205	MEF2A	['TCTCCCCCTCCACCAGGTGGTGGTARTCTT GGAATGAACAGTAGGAAACCA']
3588	NM_000098.2(CPT2):c.638A>G (p.Asp213Gly)	1376	CPT2	['TACCTGGTCAATGCGTATCCCCTGGRTATG TCCCAGTATTTTCGGCTTTTC']
3589	NM_000098.2(CPT2):c.359A>G (p.Tyr120Cys)	1376	CPT2	['TTTTTAGGACCCTGGTTTGATATGTRCCTA TCTGCTCGAGACTCCGTTGTT']
3590	NM_001079668.2(NKX2-1):c.464-2A>G	7080	NKX2-1	['TCGCCGGGCCCATGAAGCGGGAGACHGTA AGCGACAAACGCACAGCGTCGG']
3591	NM_004387.3(NKX2-5):c.896A>G (p.Asp299Gly)	1482	NKX2-5	['AACTTCGTGAACTTCGGCGTCGGGGRCTTG AATGCGGTTCAGAGCCCCGGG']
3592	NM_004387.3(NKX2-5):c.547A>G (p.Lys183Glu)	1482	NKX2-5	['GCTGAAACTCACGTCCACGCAGGTCRAGA TCTGGTTCCAGAACCGGCGCTA']
3593	NM_178138.4(LHX3):c.332A>G (p.Tyr111Cys)	8022	LHX3	['GTGCGCCGCGCCCAGGACTTCGTGTRCCAC CTGCACTGCTTTGCCTGCGTC']
3594	NM_001698.2(AUH):c.263-2A>G	549	AUH	['CTTGTACTTTTTTTCCCCTTTAACTRGGAAT

【表７－２２】

				TGTGGTGCTTGGAATAAACA']
3595	NM_001698.2(AUH):c.943-2A>G	549	AUH	['ACATATTTAATATTTTGTTTTTCTTRGACCATTCCAACAAAAGACAGACTT']
3596	NM_001876.3(CPT1A):c.1361A>G (p.Asp454Gly)	1374	CPT1A	['ATGTGTGTTTCACGTAGGTGGTTTGRCAAGTCGTTCACGTTTGTTGTCTTC']
3597	NM_001876.3(CPT1A):c.1079A>G (p.Glu360Gly)	1374	CPT1A	['CGGCTGCTGAAGCCCCGGGAGATGGRGCAGCAGATGCAGAGGATCCTGGAC']
3598	NM_001876.3(CPT1A):c.1493A>G (p.Tyr498Cys)	1374	CPT1A	['TCCATTGACAGCCTCCAGCTGGGCTRTGCGGAGGATGGGCACTGCAAAGGC']
3599	NM_000352.4(ABCC8):c.4270A>G (p.Ile1424Val)	6833	ABCC8	['CACCCTGCGCTCACGCCTCTCCATCRTCCTGCAGGACCCCGTCCTCTTCAG']
3600	NM_000352.4(ABCC8):c.215A>G (p.Asn72Ser)	6833	ABCC8	['ACATGGCTTCATTTCCCTGGGCACARCCTGCGGTGGATCCTGACCTTCATG']
3601	NM_002180.2(IGHMBP2):c.638A>G (p.His213Arg)	3508	IGHMBP2	['TCTCAGAAAGAACTTGCCATCATCCRTGGACCTCCTGGCACTGGGAAAACC']
3602	NM_033163.3(FGF8):c.298A>G (p.Lys100Glu)	2253	FGF8	['GAAGCACGTGCAGGTCCTGGCCAACRAGCGCATCAACGCCATGGCAGAGGA']
3603	NM_006180.4(NTRK2):c.2165A>G (p.Tyr722Cys)	4915	NTRK2	['TCCCGGGACGTGTACAGCACTGACTRCTACAGGGTGAGTAGCTGTGCAGAT']
3604	NM_033028.4(BBS4):c.157-2A>G	585	BBS4	['TCAGAAGCATTTTTCTCCCTCTTTCRGGCTGTTATCAAAGAACAGCTTCAA']
3605	NM_000409.3(GUCA1A):c.296A>G (p.Tyr99Cys)	2978	GUCA1A	['AAGCTCCGCTGGTACTTCAAGCTCTRTGATGTAGATGGCAACGGCTGCATT']
3606	NM_000344.3(SMN1):c.815A>G (p.Tyr272Cys)	6606	SMN1	['TTAATTTCATGGTACATGAGTGGCTRTCATACTGGCTATTATATGGTAAGT']
3607	NM_000344.3(SMN1):c.784A>G (p.Ser262Gly)	6606	SMN1	['TCTTGATGATGCTGATGCTTTGGGARGTATGTTAATTTCATGGTACATGAG']
3608	NM_000095.2(COMP):c.1358A>G (p.Asn453Ser)	1311	COMP	['CGGGACAACTGTCCCACGGTGCCTARCAGTGCCCAGGAGGACTCAGACCAC']
3609	NM_000095.2(COMP):c.1418A>G (p.Asp473Gly)	1311	COMP	['GGTGATGCCTGCGACGACGACGACGRCAATGACGGAGTCCCTGACAGTCGG']
3610	NM_002047.2(GARS):c.374A>G (p.Glu125Gly)	2617	GARS	['GATATTGTAGACCGAGCAAAAATGGRAGATACCCTGAAGAGGAGGTTTTTC']
3611	NM_001166107.1(HMGCS2):c.500A>G (p.Tyr167Cys)	3158	HMGCS2	['GGCATAGATACCACCAATGCCTGCTRCGGTGGTACTGCCTCCCTCTTCAAT']
3612	NM_000161.2(GCH1):c.671A>G (p.Lys224Arg)	2643	GCH1	['CGAGGTGTACAGAAAATGAACAGCARAACTGTGACCAGCACAATGTTGGGT']
3613	NM_001024630.3(RUNX2):c.598A>G (p.Thr200Ala)	860	RUNX2	['ATCTGCAGGCAAGAGTTTCACCTTGRCCATAACCGTCTTCACAAATCCTCC']
3614	NM_000423.2(KRT2):c.556A>G (p.Asn186Asp)	3849	KRT2	['AGAGCGTGAGCAGATCAAAACTCTCDACAACAAATTTGCCTCCTTCATTGA']
3615	NM_000215.3(JAK3):c.299A>G (p.Tyr100Cys)	3718	JAK3	['GATGCCAGCACCCAAGTCCTGCTGTRCAGGATTCGGTAGGAAGTGCCCCCC']
3616	NM_000335.4(SCN5A):c.3971A>G	6331	SCN5A	['CTCTGTCCACTTGAGGTGGTGGTCARTGCC

【表７－２３】

	(p.Asn1324Ser)			CTGGTGGGCGCCATCCCGTCC']
3617	NM_000335.4(SCN5A):c.5381A>G (p.Tyr1794Cys)	6331	SCN5A	['AGTGAGGACGACTTCGATATGTTCTRTGAG ATCTGGGAGAAATTTGACCCA']
3618	NM_001014797.2(KCNMA1):c.13 01A>G (p.Asp434Gly)	3778	KCNMA1	['AAGGACTTTCTGCACAAGGACCGGGRTGA CGTCAATGTGGAGATCGTTTTT']
3619	NM_004380.2(CREBBP):c.3524A> G (p.Tyr1175Cys)	1387	CREBBP	['TATAATCGCAAGACATCCCGAGTCTRTAA GTTTTGCAGTAAGCTTGCAGAG']
3620	NM_000023.2(SGCA):c.410A>G (p.Glu137Gly)	6442	SGCA	['GGCCCCCTGCTGCCATACCAAGCCGRGTTC CTGGTGCGCAGCCACGATGCG']
3621	NM_002835.3(PTPN12):c.182A>G (p.Lys61Arg)	5782	PTPN12	['GGAGAAAAAGAAGAAAATGTTAAAARGA ACAGATACAAGGACATACTGCCA']
3622	NM_000211.4(ITGB2):c.1052A>G (p.Asn351Ser)	3689	ITGB2	['GGGGAGCTGTCTGAGGACTCCAGCARTGT GGTCCAACTCATTAAGAATGCT']
3623	NM_005502.3(ABCA1):c.1790A> G (p.Gln597Arg)	19	ABCA1	['GTCTGGGGGGGCTTCGCCTACTTGCRGGAT GTGGTGGAGCAGGCAATCATC']
3624	NM_005502.3(ABCA1):c.2804A> G (p.Asn935Ser)	19	ABCA1	['CAGATCACCTCCTTCCTGGGCCACARTGGA GCGGGGAAGACGACCACCATG']
3625	m.5843A>G	4579	MT-TY	['CTCGGAGCTGGTAAAAAGAGGCCTARCCC CTGTCTTTAGATTTACAGTCCA']
3626	m.7445A>G	-1	-	['AAGAACCCGTATACATAAAATCTAGVCAA AAAAGGAAGGAATCGAACCCCC']
3627	m.8344A>G	4566	MT-TK	['ACCTTTTAAGTTAAAGATTAAGAGARCCA ACACCTCTTTACAGTGAAATGC']
3628	m.8296A>G	4566	MT-TK	['ACCCCCTCTACCCCCTCTAGAGCCCRCTGT AAAGCTAACTTAGCATTAACC']
3629	m.12320A>G	4568	MT-TL2	['TCTTAGGCCCCAAAAATTTTGGTGCRACTC CAAATAAAAGTAATAACCATG']
3630	m.3243A>G	4567	MT-TL1	['AGAACAGGGTTTGTTAAGATGGCAGRGCC CGGTAATCGCATAAAACTTAAA']
3631	m.3252A>G	4567	MT-TL1	['TTTGTTAAGATGGCAGAGCCCGGTARTCGC ATAAAACTTAAAACTTTACAG']
3632	m.3251A>G	4567	MT-TL1	['GTTTGTTAAGATGGCAGAGCCCGGTRATC GCATAAAACTTAAAACTTTACA']
3633	m.3260A>G	4567	MT-TL1	['GATGGCAGAGCCCGGTAATCGCATARAAC TTAAAACTTTACAGTCAGAGGT']
3634	m.3274A>G	4567	MT-TL1	['GTAATCGCATAAAACTTAAAACTTTRCAGT CAGAGGTTCAATTCCTCTTCT']
3635	m.4317A>G	4565	MT-TI	['GATAGAGTAAATAATAGGAGCTTAARCCC CCTTATTTCTAGGACTATGAGA']
3636	m.4269A>G	4565	MT-TI	['GCATTCCCCCTCAAACCTAAGAAATRTGTC TGATAAAAGAGTTACTTTGAT']
3637	m.4295A>G	4565	MT-TI	['TGTCTGATAAAAGAGTTACTTTGATRGAGT AAATAATAGGAGCTTAAACCC']
3638	m.4300A>G	4565	MT-TI	['GATAAAAGAGTTACTTTGATAGAGTRAAT

【表７－２４】

				AATAGGAGCTTAAACCCCCTTA']
3639	m.10044A>G	4563	MT-TG	['CTTCCAATTAACTAGTTTTGACAACRTTCA AAAAAGAGTAATAAACTTCGC']
3640	m.7526A>G	4555	MT-TD	['TCCATGACTTTTTCAAAAAGGTATTRGAAA AACCATTTCATAACTTTGTCA']
3641	m.10438A>G	4573	MT-TR	['AGTTTAAACAAAACGAATGATTTCGRCTC ATTAAATTATGATAATCATATT']
3642	m.1555A>G	4549	MT-RNR1	['ACCCCTACGCATTTATATAGAGGAGRCAA GTCGTAACATGGTAAGTGTACT']
3643	m.827A>G	4549	MT-RNR1	['CACCCCCACGGGAAACAGCAGTGATNARC CTTTAGCAATAAACGAAAGTTT']
3644	m.15579A>G	4519	MT-CYB	['CCCGAATGATATTTCCTATTCGCCTRCACA ATTCTCCGATCCGTCCCTAAC']
3645	m.14495A>G	4541	MT-ND6	['TCCAAAGACAACCATCATTCCCCCTRAATA AATTAAAAAAACTATTAAACC']
3646	m.12770A>G	4540	MT-ND5	['CTATTCCAACTGTTCATCGGCTGAGRGGGC GTAGGAATTATATCCTTCTTG']
3647	m.11084A>G	4538	MT-ND4	['CTCCCTACAAATCTCCTTAATTATARCATT CACAGCCACAGAACTAATCAT']
3648	m.3397A>G	4535	MT-ND1	['TACCGAACGAAAAATTCTAGGCTATRTAC AACTACGCAAAGGCCCCAACGT']
3649	m.4136A>G	4535	MT-ND1	['CTGTTCTTATGAATTCGAACAGCATRCCCC CGATTCCGCTACGACCAACTC']
3650 - 3654	m.3796A>G	4535	MT-ND1	['CCGTTTACTCAATCCTCTGATCAGGNTGAG CATCAAACTCAAACTACGCCC', 'AATAAGTGGCTCCTTTAACCTCTCCDCCCTT ATCACAACACAAGAACACCT', 'ACCCCCTTGACCTTGCCGAAGGGGANTCCG AACTAGTCTCAGGCTTCAACA', 'CGAATACGCCGCAGGCCCCTTCGCCNTATT CTTCATAGCCGAATACACAAA', 'ATTTTGTCACCAAGACCCTACTTCTNACCTC CCTGTTCTTATGAATTCGAA']
3655	NM_003334.3(UBA1):c.1639A>G (p.Ser547Gly)	7317	UBA1	['AATGAATCCACATATCCGGGTGACARGCC ACCAGAACCGTGTGGGTCCTGA']
3656	NM_000354.5(SERPINA7):c.623-2A>G	6906	SERPINA7	['GATCAAAAGGATTTGCCCACTGGGCYTAA AATACAAAGAAAAGAGAGGTGT']
3657	NM_000044.3(AR):c.2291A>G (p.Tyr764Cys)	367	AR	['ACCAATGTCAACTCCAGGATGCTCTRCTTC GCCCCTGATCTGGTTTTCAAT']
3658	NM_000044.3(AR):c.2362A>G (p.Met788Val)	367	AR	['CCGGATGTACAGCCAGTGTGTCCGARTGA GGCACCTCTCTCAAGAGTTTGG']
3659	NM_000044.3(AR):c.2632A>G (p.Thr878Ala)	367	AR	['GATTGCGAGAGAGCTGCATCAGTTCRCTTT TGACCTGCTAATCAAGTCACA']
3660	NM_000044.3(AR):c.2708A>G	367	AR	['ATGATGGCAGAGATCATCTCTGTGCRAGT

【表７－２５】

	(p.Gln903Arg)			GCCCAAGATCCTTTCTGGGAAA']
3661	NM_002764.3(PRPS1):c.341A>G (p.Asn114Ser)	5631	PRPS1	['CCAATCTCAGCCAAGCTTGTTGCAARTATG CTATCTGTAGCAGGTGCAGAT']
3662	NM_000194.2(HPRT1):c.602A>G (p.Asp201Gly)	3251	HPRT1	['CTTGACTATAATGAATACTTCAGGGRTTTG AATGTAAGTAATTGCTTCTTT']
3663	NM_000194.2(HPRT1):c.155A>G (p.Asp52Gly)	3251	HPRT1	['TGTAGGACTGAACGTCTTGCTCGAGRTGTG ATGAAGGAGATGGGAGGCCAT']
3664	NM_000132.3(F8):c.872A>G (p.Glu291Gly)	2157	F8	['CCTGAAGTGCACTCAATATTCCTCGRAGGT CACACATTTCTTGTGAGGAAC']
3665	NM_000132.3(F8):c.5183A>G (p.Tyr1728Cys)	2157	F8	['GCTGCAGTGGAGAGGCTCTGGGATTRTGG GATGAGTAGCTCCCCACATGTT']
3666	NM_000132.3(F8):c.5821A>G (p.Asn1941Asp)	2157	F8	['TTCTCTGTGTCCTTCTCCAGCAATCRATGG CTACATAATGGATACACTACC']
3667	NM_000132.3(F8):c.328A>G (p.Met110Val)	2157	F8	['TACAGTGGTCATTACACTTAAGAACRTGGC TTCCCATCCTGTCAGTCTTCA']
3668	NM_000132.3(F8):c.398A>G (p.Tyr133Cys)	2157	F8	['TTTCTTCCTGCTATAGGAGCTGAATRTGAT GATCAGACCAGTCAAAGGGAG']
3669	NM_000132.3(F8):c.404A>G (p.Asp135Gly)	2157	F8	['CCTGCTATAGGAGCTGAATATGATGRTCA GACCAGTCAAAGGGAGAAAGAA']
3670	NM_000132.3(F8):c.940A>G (p.Thr314Ala)	2157	F8	['GGAAATCTCGCCAATAACTTTCCTTRCTGC TCAAACACTCTTGATGGACCT']
3671	NM_000132.3(F8):c.1226A>G (p.Glu409Gly)	2157	F8	['TGGGTACATTACATTGCTGCTGAAGRGGA GGACTGGGACTATGCTCCCTTA']
3672	NM_000132.3(F8):c.1331A>G (p.Lys444Arg)	2157	F8	['CAGCGGATTGGTAGGAAGTACAAAARAGT CCGATTTATGGCATACACAGAT']
3673	NM_000132.3(F8):c.1418A>G (p.Tyr473Cys)	2157	F8	['TCAGGAATCTTGGGACCTTTACTTTRTGGG GAAGTTGGAGACACACTGTTG']
3674	NM_000132.3(F8):c.1660A>G (p.Ser554Gly)	2157	F8	['TCGGTGCCTGACCCGCTATTACTCTRGTTT CGTTAATATGGAGAGAGATCT']
3675	NM_000132.3(F8):c.1682A>G (p.Asp561Gly)	2157	F8	['TCTAGTTTCGTTAATATGGAGAGAGRTCTA GCTTCAGGACTCATTGGCCCT']
3676	NM_000132.3(F8):c.1892A>G (p.Asn631Ser)	2157	F8	['GAGGATCCAGAGTTCCAAGCCTCCARCAT CATGCACAGTGAGTAAAGCAGC']
3677	NM_000132.3(F8):c.5600A>G (p.His1867Arg)	2157	F8	['TTCCCTCCCTAGGAAAAAGATGTGCRCTCA GGCCTGATTGGACCCCTTCTG']
3678	NM_000132.3(F8):c.5822A>G (p.Asn1941Ser)	2157	F8	['TCTCTGTGTCCTTCTCCAGCAATCARTGGC TACATAATGGATACACTACCT']
3679	NM_000132.3(F8):c.6113A>G (p.Asn2038Ser)	2157	F8	['AGCACACTTTTTCTGGTGTACAGCARTAGT GAGTAGCAATGTGGGCAGAGG']
3680	NM_000132.3(F8):c.6278A>G (p.Asp2093Gly)	2157	F8	['AAGTGTTATTTTAATTGGTAGGTGGRTCTG TTGGCACCAATGATTATTCAC']
3681	NM_000132.3(F8):c.6371A>G	2157	F8	['TACATCTCTCAGTTTATCATCATGTRTAGT CTTGATGGGAAGAAGTGGCAG']
3682	NM_000132.3(F8):c.6794A>G	2157	F8	['ATGAAAGTCACAGGAGTAACTACTCRGGG

【表７－２６】

	(p.Gln2265Arg)			AGTAAAATCTCTGCTTACCAGC']
3683	NM_000132.3(F8):c.104A>G (p.Tyr35Cys)	2157	F8	['GGTGCAGTGGAACTGTCATGGGACTRTAT GCAAAGTGATCTCGGTGAGCTG']
3684	NM_000402.4(G6PD):c.466A>G (p.Asn156Asp)	2539	G6PD	['CAACTCCTATGTGGCTGGCCAGTACRATGA TGCAGCCTCCTACCAGCGCCT']
3685	NM_000402.4(G6PD):c.583A>G (p.Asn195Asp)	2539	G6PD	['GCTCCGGGCTCCCAGCAGAGGCTGGRACC GCATCATCGTGGAGAAGCCCTT']
3686	NM_002049.3(GATA1):c.653A>G (p.Asp218Gly)	2623	GATA1	['ACAGCCACTCCACTGTGGCGGAGGGRCAG GACAGGCCACTACCTATGCAAC']
3687	NM_001097642.2(GJB1):c.194A>G (p.Tyr65Cys)	2705	GJB1	['CAGCCTGGCTGCAACAGCGTTTGCTRTGAC CAATTCTTCCCCATCTCCCAT']
3688	NM_000166.5(GJB1):c.614A>G (p.Asn205Ser)	2705	GJB1	['GCCTCTGGCATCTGCATCATCCTCARTGTG GCCGAGGTGGTGTACCTCATC']
3689	NM_000032.4(ALAS2):c.1702A>G (p.Ser568Gly)	212	ALAS2	['CCGTCCTGTACACTTTGAGCTCATGRGTGA GTGGGAACGTTCCTACTTCGG']
3690	NM_000202.6(IDS):c.404A>G (p.Lys135Arg)	3423	IDS	['GGCTATGTGACCATGTCGGTGGGAARAGT CTTTCACCCTGGTACTGCTCCA']
3691	NM_000292.2(PHKA2):c.896A>G (p.Asp299Gly)	5256	PHKA2	['TATGGATGCTGTCGCTTCCTTCGAGRTGGT TATAAAACTCCAAGAGAGGTT']
3692	NM_000292.2(PHKA2):c.565A>G (p.Lys189Glu)	5256	PHKA2	['TTATGGAATGTGGGAGCGTGGAGATRAGA CTAATCAGGGCATCCCGGAATT']
3693	NM_000351.4(STS):c.1331A>G (p.His444Arg)	412	STS	['CGCTCCGATCATGAGTTTCTCTTCCRTTAC TGCAACGCCTACTTAAATGCT']
3694	NM_000133.3(F9):c.278A>G (p.Asp93Gly)	2158	F9	['TTCAATTTCTTAACCTATCTCAAAGRTGGA GATCAGTGTGAGTCCAATCCA']
3695	NM_000133.3(F9):c.329A>G (p.Asp110Gly)	2158	F9	['TGTTTAAATGGCGGCAGTTGCAAGGRTGA CATTAATTCCTATGAATGTTGG']
3696	NM_000133.3(F9):c.917A>G (p.Asn306Ser)	2158	F9	['CGAATTATTCCTCACCACAACTACARTGCA GCTATTAATAAGTACAACCAT']
3697	NM_000133.3(F9):c.1180A>G (p.Met394Val)	2158	F9	['TACAAAGTTCACCATCTATAACAACRTGTT CTGTGCTGGCTTCCATGAAGG']
3698	NM_000133.3(F9):c.1231A>G (p.Ser411Gly)	2158	F9	['AGGTAGAGATTCATGTCAAGGAGATRGTG GGGGACCCCATGTTACTGAAGT']
3699	NM_000266.3(NDP):c.131A>G (p.Tyr44Cys)	4693	NDP	['CCTCGACGCTGCATGAGGCACCACTRTGTG GATTCTATCAGTCACCCATTG']
3700	NM_000266.3(NDP):c.1A>G (p.Met1Val)	4693	NDP	['TCTAGAGAAGTTTTTCCTTACAACARTGAG AAAACATGTACTAGCTGCATC']
3701	NM_000266.3(NDP):c.125A>G (p.His42Arg)	4693	NDP	['TCGGACCCTCGACGCTGCATGAGGCRCCA CTATGTGGATTCTATCAGTCAC']
3702	NM_000169.2(GLA):c.886A>G (p.Met296Val)	-1	-	['GGCTATCATGGCTGCTCCTTTATTCRTGTC TAATGACCTCCGACACATCAG']
3703	NM_000169.2(GLA):c.101A>G (p.Asn34Ser)	-1	-	['ATCCCTGGGGCTAGAGCACTGGACARTGG ATTGGCAAGGACGCCTACCATG']
3704	NM_000169.2(GLA):c.644A>G	-1	-	['GAGTCATATCTGTTTTCACAGCCCARTTAT

【表７－２７】

	(p.Asn215Ser)			ACAGAAATCCGACAGTACTGC']
3705	NM_000169.2(GLA):c.1228A>G (p.Thr410Ala)	-1	-	['AAGGTTAAGAAGTCACATAAATCCCRCAG GCACTGTTTTGCTTCAGCTAGA']
3706	NM_000169.2(GLA):c.815A>G (p.Asn272Ser)	-1	-	['TCTTTTTCTCAGTTAGTGATTGGCARCTTTG GCCTCAGCTGGAATCAGCAA']
3707	NM_153252.4(BRWD3):c.4786A>G (p.Lys1596Glu)	254065	BRWD3	['AGAAGATAAAGAGAAAAAAGAAACARAA GAGAAATCTCATTTATCCACCTC']
3708	NM_004463.2(FGD1):c.1396A>G (p.Met466Val)	2245	FGD1	['GCAGAAACTGGCCCCCTTCCTCAAGRTGTA TGGTGAGTATGTGAAGAACTT']
3709	NM_000054.4(AVPR2):c.614A>G (p.Tyr205Cys)	554	AVPR2	['GCGGAGCCCTGGGGCCGTCGCACCTRTGT CACCTGGATTGCCCTGATGGTG']
3710	NM_000054.4(AVPR2):c.839A>G (p.Tyr280Cys)	554	AVPR2	['ATGACGCTAGTGATTGTGGTCGTCTRTGTG CTGTGCTGGGCACCCTTCTTC']
3711	NM_000276.3(OCRL):c.1436A>G (p.Tyr479Cys)	4952	OCRL	['ATCAAGTTCATCCCCACTTATAAGTRTGAC TCTAAAACAGACCGGTGGGAT']
3712	NM_000397.3(CYBB):c.302A>G (p.His101Arg)	1536	CYBB	['CAACTGGACAGGAATCTCACCTTTCRTAAA ATGGTGGCATGGATGATTGCA']
3713	NM_000397.3(CYBB):c.1499A>G (p.Asp500Gly)	1536	CYBB	['GCTGTGCACCATGATGAGGAGAAAGRTGT GATCACAGGCCTGAAACAAAAG']
3714	NM_001205019.1(GK):c.880A>G (p.Asn294Asp)	2710	GK	['TGGAACAGGATGTTTCTTACTATGTRATAC AGGCCATAAGGTTGGTTTTTT']
3715	NM_005710.2(PQBP1):c.194A>G (p.Tyr65Cys)	10084	PQBP1	['CGGCCCCACAGCGGGCTCCCTTACTRCTGG AATGCAGACACAGACCTTGTA']
3716	NM_198270.3(NHS):c.853-2A>G	4810	NHS	['CTGAACCTGATTGTACTTTGTTTGCRGTCC CATCCCCCAGAGGATGAAGAT']
3717	NM_000252.2(MTM1):c.566A>G (p.Asn189Ser)	4534	MTM1	['CACCATTGGAGAATAACTTTTATTARTAAG TGCTATGAGCTCTGTGACACT']
3718	NM_000252.2(MTM1):c.1190A>G (p.Tyr397Cys)	4534	MTM1	['GCCATGCTGATGTTGGATAGCTTCTRTAGG AGCATTGAAGGGTTCGAAATA']
3719	NM_000252.2(MTM1):c.1261-10A>G	4534	MTM1	['TAATTAAAACAAATTATCTTCATCARTTTA TTCAGCGAATAGGTCATGGTG']
3720	NM_001015877.1(PHF6):c.700A>G (p.Lys234Glu)	84295	PHF6	['AGGAAAACTGCATATATTTAATGCCRAGA AGGCAGCTGCCCATTATAAGTG']
3721	NM_001015877.1(PHF6):c.686A>G (p.His229Arg)	84295	PHF6	['GAAAATGAAGCACGAGGAAAACTGCRTAT ATTTAATGCCAAGAAGGCAGCT']
3722	NM_001015877.1(PHF6):c.769A>G (p.Arg257Gly)	84295	PHF6	['CACAGTCCAGCTCACAACAACATCARGAG CAGAATTTGGAGACTTTGATAT']
3723	NM_000117.2(EMD):c.1A>G (p.Met1Val)	2010	EMD	['GCCTCCGCCTGAGCCCGCACCCGCCRTGG ACAACTACGCAGATCTTTCGGA']
3724	NM_004006.2(DMD):c.2317A>G (p.Lys773Glu)	1756	DMD	['GGCCATAGAGCGAGAAAAAGCTGAGRAGT TCAGAAAACTGCAAGATGCCAG']
3725	NM_004006.2(DMD):c.8734A>G (p.Asn2912Asp)	1756	DMD	['TCTACGAAAGCAGGCTGAGGAGGTCRATA CTGAGTGGGAAAAATTGAACCT']
3726	NM_004006.2(DMD):c.8762A>G	1756	DMD	['ACTGAGTGGGAAAAATTGAACCTGCRCTC

【表７－２８】

	(p.His2921Arg)			CGCTGACTGGCAGAGAAAAATA']
3727	NM_004006.2(DMD):c.835A>G (p.Thr279Ala)	1756	DMD	['TCCCCCAAACCCTTCTCTGCAGATCRCGGT CAGTCTAGCACAGGGATATGA']
3728	NM_004006.2(DMD):c.9225-285A>G	1756	DMD	['TCGATCGCACTTCAGTTATGATAAAYTGAC CTTGTTATGTGATCAATAATC']
3729	NM_000033.3(ABCD1):c.443A>G (p.Asn148Ser)	215	ABCD1	['ATCGCCCTCCCTGCTACCTTCGTCARCAGT GCCATCCGTTACCTGGAGGGC']
3730	NM_003588.3(CUL4B):c.901-2A>G	8450	CUL4B	['TTTGATTTCTTTTTTTTTCATTGGCRGATCA TGATCAGGAGCATTTTTTTG']
3731	NM_000061.2(BTK):c.1288A>G (p.Lys430Glu)	695	BTK	['GAGAGGCCAGTACGACGTGGCCATCRAGA TGATCAAAGAAGGCTCCATGTC']
3732	NM_000061.2(BTK):c.1082A>G (p.Tyr361Cys)	695	BTK	['AGCACCATCCCTGAGCTCATTAACTRCCAT CAGCACAACTCTGCAGGTGAG']
3733	NM_000061.2(BTK):c.919A>G (p.Arg307Gly)	695	BTK	['GGGGAAAGAAGGAGGTTTCATTGTCRGAG ACTCCAGCAAAGCTGGCAAATA']
3734	NM_000061.2(BTK):c.1766A>G (p.Glu589Gly)	695	BTK	['CACCTTCTAGGGGTTTTGATGTGGGRAATT TACTCCCTGGGGAAGATGCCA']
3735	NM_003413.3(ZIC3):c.1213A>G (p.Lys405Glu)	7547	ZIC3	['CTACACGCACCCGAGCTCCCTGCGCRAAC ACATGAAGGTAATTACCTCTTT']
3736	NM_001037811.2(HSD17B10):c.713A>G (p.Asn238Ser)	3028	HSD17B10	['GCCATCATCGAGAACCCATTCCTCARTGGA GAGGTCATCCGGCTGGATGGG']
3737	NM_003639.4(IKBKG):c.1219A>G (p.Met407Val)	8517	IKBKG	['CAAGTGCCAGTATCAGGCCCCTGATRTGG ACACCCTGCAGATACATGTCAT']
3738	NM_003639.4(IKBKG):c.1259A>G (p.Ter420Trp)	8517	IKBKG	['ATACATGTCATGGAGTGCATTGAGTRGGG CCGGCCAGTGCAAGGCCACTGC']
3739	NM_005448.2(BMP15):c.704A>G (p.Tyr235Cys)	9210	BMP15	['TTGGACATTGCCTTCTTGTTACTCTRTTTCA ATGATACTCATAAAAGCATT']
3740	NM_005120.2(MED12):c.3020A>G (p.Asn1007Ser)	9968	MED12	['AAGGTGAAGAACACCATCTACTGCARCGT GGAGCCATCGGAATCAAATATG']
3741	NM_003688.3(CASK):c.2129A>G (p.Asp710Gly)	8573	CASK	['GGCAAGAAAAAGAAGCAGTACAAAGRTA AATATTTGGCAAAGCACAATGCA']
3742	NM_001363.4(DKC1):c.361A>G (p.Ser121Gly)	1736	DKC1	['ACTTCGGGTGGAGAAGACAGGGCACRGTG GTACTCTGGATCCCAAGGTGAC']
3743	NM_001363.4(DKC1):c.1069A>G (p.Thr357Ala)	1736	DKC1	['ATTAATGACCACAGCGGTCATCTCTRCCTG CGACCATGGTATAGTAGCCAA']
3744	NM_000307.4(POU3F4):c.1000A>G (p.Lys334Glu)	5456	POU3F4	['GTTCTGTAATCGAAGACAAAAAGAGRAAA GAATGACTCCGCCAGGGGATCA']
3745	NM_004429.4(EFNB1):c.472A>G (p.Met158Val)	1947	EFNB1	['GGGCGGTGTGTGCCGCACACGCACCRTGA AGATCATCATGAAGGTTGGGCA']
3746	NM_000489.4(ATRX):c.4826A>G (p.His1609Arg)	546	ATRX	['TTCTTATAGGTGGTAAGTTTTCTTCRTACA GTTCTTTTGTGTGACAAACTG']
3747	NM_000489.4(ATRX):c.5579A>G (p.Asn1860Ser)	546	ATRX	['TTCTTTTGATCAGGTGTGGGCAATAVTAGT GAAGGTGGAAGAGGAAAGGCA']
3748	NM_000489.4(ATRX):c.6488A>G	546	ATRX	['GGACAAACTAAGCCTGTTTATGTATRTAGG

【表７－２９】

	(p.Tyr2163Cys)			TTCTTAGCTCAGGTAGGTTTA']
3749	NM_000489.4(ATRX):c.6811A>G (p.Arg2271Gly)	546	ATRX	['AGAAGAAGAGTTGACTGAAGAAGAARGA AAAGCAGCTTGGGCTGAGTATGA']
3750	NM_000052.6(ATP7A):c.3911A>G (p.Asn1304Ser)	538	ATP7A	['GTAGCAATGGTGGGAGATGGAATCARTGA CTCCCCAGCTCTGGCAATGGCT']
3751	NM_004992.3(MECP2):c.410A>G (p.Glu137Gly)	4204	MECP2	['GGAAAAGCCTTTCGCTCTAAAGTGGRGTT GATTGCGTACTTCGAAAAGGTA']
3752	NM_000137.2(FAH):c.1141A>G (p.Arg381Gly)	2184	FAH	['CATAGACCTGGGGAATGGTCAGACCRGGA AGTTTCTGCTGGACGGGGATGA']
3753	NM_000137.2(FAH):c.836A>G (p.Gln279Arg)	2184	FAH	['CCCTTTGCTGTGCCCAACCCGAAGCRGGTA AGCACATTCTCTGCAGGAAGC']
3754	NM_002769.4(PRSS1):c.68A>G (p.Lys23Arg)	-1	-	['GCTGCCCCCTTTGATGATGATGACARGATC GTTGGGGGCTACAACTGTGAG']
3755	NM_002769.4(PRSS1):c.161A>G (p.Asn54Ser)	-1	-	['CACTTCTGTGGTGGCTCCCTCATCARCGAA CAGTGGGTGGTATCAGCAGGC']
3756	NM_000373.3(UMPS):c.286A>G (p.Arg96Gly)	7372	UMPS	['AACCAATCAAATTCCAATGCTTATTRGAAG GAAAGAAACAAAGGATTATGG']
3757	NM_001918.3(DBT):c.1355A>G (p.His452Arg)	1629	DBT	['ATGAATGTGAGCTGGTCAGCTGATCRCAG AGTTATTGATGGTGCTACAATG']
3758	NM_000108.4(DLD):c.214A>G (p.Lys72Glu)	1738	DLD	['TTGGTTGTAGACAGTCTGCATTGAGRAAA ATGAAACACTTGGTGGAACATG']
3759	NM_000108.4(DLD):c.1483A>G (p.Arg495Gly)	1738	DLD	['CTTGCAGACCTTATCAGAAGCTTTTRGAGA AGCAAATCTTGCTGCGTCATT']
3760	NM_000108.4(DLD):c.1081A>G (p.Met361Val)	1738	DLD	['CATTGGTGATGTAGTTGCTGGTCCARTGCT GGCTCACAAAGCAGAGGATGA']
3761	NM_000481.3(AMT):c.125A>G (p.His42Arg)	275	AMT	['CGCAGGACACCGCTCTATGACTTCCRCCTG GCCCACGGCGGGAAAATGGTG']
3762	NM_000151.3(G6PC):c.230+4A>G	2538	G6PC	['GGCTCAACCTCGTCTTTAAGTGGTARGAAC CATATAGAGAGGAGATCAGCA']
3763	NM_000532.4(PCCB):c.1304A>G (p.Tyr435Cys)	5096	PCCB	['CAGCATTTGGATCTGTTTTAGGCCTRTGGA GGTGCCTATGATGTCATGAGC']
3764	NM_000387.5(SLC25A20):c.713A >G (p.Gln238Arg)	788	SLC25A20	['CCAGATGTGCTCAAGTCTCGATTCCRGACT GGTGAGTGGAAGGTAGTGGGG']
3765	NM_004360.3(CDH1):c.2512A>G (p.Ser838Gly)	999	CDH1	['TCTGCTCGTGTTTGACTATGAAGGARGCGG TTCCGAAGCTGCTAGTCTGAG']
3766	NM_004360.3(CDH1):c.1018A>G (p.Thr340Ala)	999	CDH1	['GTCGATCTCTCTGCAGAGTTTCCCTDCGTA TACCCTGGTGGTTCAAGCTGC']
3767	NM_003361.3(UMOD):c.383A>G (p.Asn128Ser)	7369	UMOD	['TGCCACGCCCTGGCCACATGTGTCARTGTG GTGGGCAGCTACTTGTGCGTA']
3768	NM_000463.2(UGT1A1):c.992A> G (p.Gln331Arg)	-1	-	['GCTGATGCTTTGGGCAAAATCCCTCRGACA GTAAGAAGATTCTATACCATG']
3769	NM_000463.2(UGT1A1):c.1085- 2A>G	-1	-	['TGACATCCTCCCTATTTTGCATCTCRGGTC ACCCGATGACCCGTGCCTTTA']
3770	NM_000463.2(UGT1A1):c.1070A>	-1	-	['ACGATACTTGTTAAGTGGCTACCCCRAAAC

【表７－３０】

	G (p.Gln357Arg)			GATCTGCTTGGTATGTTGGGC']
3771	NM_000463.2(UGT1A1):c.1198A>G (p.Asn400Asp)	-1	-	['GCCCTTGTTTGGTGATCAGATGGACVATGCAAAGCGCATGGAGACTAAGGG']
3772	NM_001382.3(DPAGT1):c.509A>G (p.Tyr170Cys)	1798	DPAGT1	['TCTCTCCCCGCAGGAATCCTGTACTRTGTCTACATGGGGCTGCTGGCAGTG']
3773	NM_001007792.1(NTRK1):c.986A>G (p.Tyr329Cys)	4914	NTRK1	['CCCACCCACGTCAACAACGGCAACTRCACGCTGCTGGCTGCCAACCCCTTC']
3774	NM_001007792.1(NTRK1):c.1651A>G (p.Met551Val)	4914	NTRK1	['CTGCACCGAGGGCCGCCCCCTGCTCRTGGTCTTTGAGTATATGCGGCACGG']
3775	NM_000363.4(TNNI3):c.569A>G (p.Asp190Gly)	7137	TNNI3	['CTCCAGGAAAACCGGGAGGTGGGAGRCTGGCGCAAGAACATCGATGCACTG']
3776	NM_000363.4(TNNI3):c.532A>G (p.Lys178Glu)	7137	TNNI3	['GCGGGCCCACCTCAAGCAGGTGAAGRAGGAGGACACCGAGAAGGTGAGTGT']
3777	NM_001018005.1(TPM1):c.539A>G (p.Glu180Gly)	7168	TPM1	['ATTGAGAGCGACCTGGAACGTGCAGDGGAGCGGGCTGAGCTCTCAGAAGGG']
3778	NM_001159287.1(TPI1):c.622A>G (p.Ile208Val)	7167	TPI1	['CCTGGCCTATGAGCCTGTGTGGGCCRTTGGTACTGGCAAGACTGCAACACC']
3779	NM_000359.2(TGM1):c.1469A>G (p.Asp490Gly)	7051	TGM1	['AATGGCCTGGTCTACATGAAGTACGRCACGCCTTTCATTTTTGCTGAGGTG']
3780	NM_001024847.2(TGFBR2):c.1472-2A>G	7048	TGFBR2	['CCCTGTGTTTGCTGGCTTTCTTCACRGAAGTAAAAGATTATGAGCCTCCAT']
3781	NM_003242.5(TGFBR2):c.1273A>G (p.Met425Val)	7048	TGFBR2	['GCTATAGGTGGGAACTGCAAGATACRTGGCTCCAGAAGTCCTAGAATCCAG']
3782	NM_004612.3(TGFBR1):c.1199A>G (p.Asp400Gly)	7046	TGFBR1	['CATTTTGAATCCTTCAAACGTGCTGRCATCTATGCAATGGGCTTAGTATTC']
3783	NM_001128177.1(THRB):c.1324A>G (p.Met442Val)	7068	THRB	['CTGCCATGCCAGCCGCTTCCTGCACRTGAAGGTGGAATGCCCCACAGAACT']
3784	NM_001128177.1(THRB):c.1327A>G (p.Lys443Glu)	7068	THRB	['CCATGCCAGCCGCTTCCTGCACATGRAGGTGGAATGCCCCACAGAACTCTT']
3785	NM_001128177.1(THRB):c.1009A>G (p.Thr337Ala)	7068	THRB	['AACCTTGAATGGGGAAATGGCAGTGRCACGGGGCCAGCTGAAAAATGGGGG']
3786	NM_033360.3(KRAS):c.13A>G (p.Lys5Glu)	3845	KRAS	['AGGCCTGCTGAAAATGACTGAATATRAACTTGTGGTAGTTGGAGCTGGTGG']
3787	NM_005343.2(HRAS):c.350A>G (p.Lys117Arg)	-1	-	['GTGCCCATGGTGCTGGTGGGGAACARGTGTGACCTGGCTGCACGCACTGTG']
3788	NM_001063.3(TF):c.956A>G (p.His319Arg)	7018	TF	['GACCTGCTGTTTAAGGACTCTGCCCRCGGGTTTTTAAAAGTCCCCCCCAGG']
3789	NM_001063.3(TF):c.1936A>G (p.Lys646Glu)	7018	TF	['CTTTTGTTTGTTCCGGTCGGAAACCRAGGACCTTCTGTTCAGAGATGACAC']
3790	NM_212472.2(PRKAR1A):c.891+3A>G	5573	PRKAR1A	['ATGAGTTCTTCATTATTTTAGAGGTRAAGAACTCAGAATTTAATACTTGAA']
3791	NM_212472.2(PRKAR1A):c.1A>G (p.Met1Val)	5573	PRKAR1A	['GTGTGTTTTTTTCTCGCAGAGAACCRTGGAGTCTGGCAGTACCGCCGCCAG']
3792	NM_000362.4(TIMP3):c.572A>G	-1	-	['GCCTGCATCCGGCAGAAGGGCGGCTRCTG

【表７－３１】

	(p.Tyr191Cys)			CAGCTGGTACCGAGGATGGGCC']
3793 - 3795	NM_000367.3(TPMT):c.719A>G (p.Tyr240Cys)	7172	TPMT	['GATTACAGGTGTGAGCCACCGCACCNAGC CAATTTTGAGTATTTTTAAAAG', 'TAACATGTTACTCTTTCTTGTTTCARGTAAA ATATGCAATATACRTYGTCT', 'AGGTTGATGCTTTTGAAGAACGACAKAAAA GTTGGGGAATTGACTGTCTTT']
3796	NM_198253.2(TERT):c.2315A>G (p.Tyr772Cys)	7015	TERT	['TCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTRCATG CGACAGTTCGTGGCTCACCTG']
3797	NM_000073.2(CD3G):c.1A>G (p.Met1Val)	917	CD3G	['CTTTTGCCGGAGGACAGAGACTGACRTGG AACAGGGGAAGGGCCTGGCTGT']
3798	NM_000899.4(KITLG):c.107A>G (p.Asn36Ser)	4254	KITLG	['ATCTGCAGGAATCGTGTGACTAATARTGTA AAAGACGTCACTAAATTGGTA']
3799	NM_001024858.2(SPTB):c.1A>G (p.Met1Val)	6710	SPTB	['GCGGAGCTGCTAAGAGCCTGCTGACRTGA CATCGGCCACAGAGTTTGAAAA']
3800	NM_003126.2(SPTA1):c.143A>G (p.Lys48Arg)	6708	SPTA1	['GAGCGGGTCGCTGAGAGGGGTCAGARGCT TGAGGATTCCTATCACTTACAA']
3801	NM_005633.3(SOS1):c.1654A>G (p.Arg552Gly)	6654	SOS1	['TTTACAGTACCGGAGTACACTGGAARGGA TGCTTGATGTAACAATGCTACA']
3802	NM_003041.3(SLC5A2):c.1961A>G (p.Asn654Ser)	-1	-	['GACCCGAGCTGGGCCCGTGTGGTCARCCT CAATGCCCTGCTCATGATGGCA']
3803	NM_000343.3(SLC5A1):c.83A>G (p.Asp28Gly)	6523	SLC5A1	['CACGAGCTCATTCGCAATGCAGCCGRTATC TCCATCATCGTTATCTACTTC']
3804	NM_000702.3(ATP1A2):c.1033A>G (p.Thr345Ala)	477	ATP1A2	['TCTCTACCAGGTGTGCCTGACCCTGRCAGC CAAGCGCATGGCACGGAAGAA']
3805	NM_003124.4(SPR):c.448A>G (p.Arg150Gly)	6697	SPR	['CTTCCCGGACAGTCCTGGCCTCAACRGAAC CGTGGTTAACATCTCGTCCCT']
3806	NM_001161766.1(AHCY):c.344A>G (p.Tyr115Cys)	191	AHCY	['CTCACCAACCTCATCCACACCAAGTRCCCG CAGCTTCTGCCAGGTGAGCAG']
3807	NM_001035.2(RYR2):c.12602A>G (p.Gln4201Arg)	6262	RYR2	['TGCGAGGACACCATCTTTGAAATGCRGCT GGCGGCTCAGATCTCGGAGTCG']
3808	NM_000540.2(RYR1):c.14387A>G (p.Tyr4796Cys)	6261	RYR1	['CAGTCCTTCCTGTACCTGGGCTGGTRTATG GTGATGTCCCTCTTGGGACAC']
3809	NM_000540.2(RYR1):c.14647-1449A>G	6261	RYR1	['CTCTGTCTCAAAAAAAAAAAAAAACRTAT GTAAAGTTGTTCCCAAATGCCA']
3810	NM_000540.2(RYR1):c.13909A>G (p.Thr4637Ala)	6261	RYR1	['GGTGTACTACTTCCTGGAGGAAAGCRCAG GCTACATGGAACCCGCCCTGCG']
3811	NM_000539.3(RHO):c.533A>G (p.Tyr178Cys)	6010	RHO	['TCTCCCTACCTGCCTGTCCTCAGGTRCATC CCCGAGGGCCTGCAGTGCTCG']
3812	NM_000539.3(RHO):c.569A>G (p.Asp190Gly)	6010	RHO	['GGCCTGCAGTGCTCGTGTGGAATCGRCTAC TACACGCTCAAGCCGGAGGTC']
3813	NM_000539.3(RHO):c.886A>G (p.Lys296Glu)	6010	RHO	['CATGACCATCCCAGCGTTCTTTGCCRAGAG CGCCGCCATCTACAACCCTGT']
3814	NM_000539.3(RHO):c.44A>G	6010	RHO	['CCTAACTTCTACGTGCCCTTCTCCARTGCG

【表７－３２】

	(p.Asn15Ser)			ACGGGTGTGGTACGCAGCCCC']
3815	NM_000321.2(RB1):c.2490-1398A>G	5925	RB1	['AAGGGTGCTGTGGATCAGGGAAATGRTGAGTATGAAGCTGTTTTAAATTCT']
3816	NM_000536.3(RAG2):c.115A>G (p.Arg39Gly)	5897	RAG2	['CTTTGGACAAAAAGGCTGGCCCAAARGATCCTGCCCCACTGGAGTTTTCCA']
3817	NM_000448.2(RAG1):c.2735A>G (p.Tyr912Cys)	5896	RAG1	['GAGTGCCCAGAATCCCTCTGCCAGTRCAGTTTCAATTCACAGCGTTTTGCT']
3818	NM_000448.2(RAG1):c.1286A>G (p.Asp429Gly)	5896	RAG1	['TTTGCTGACAAAGAAGAAGGTGGAGRTGTGAAGTCCGTGTGCATGACCTTG']
3819	NM_000925.3(PDHB):c.395A>G (p.Tyr132Cys)	5162	PDHB	['ATAAACTCAGCTGCCAAGACCTACTRCATGTCTGGTGGCCTTCAGCCTGTG']
3820	NM_000055.2(BCHE):c.293A>G (p.Asp98Gly)	590	BCHE	['GCAAATTCTTGCTGTCAGAACATAGRTCAAAGTTTTCCAGGCTTCCATGGA']
3821	NM_000055.2(BCHE):c.467A>G (p.Tyr156Cys)	590	BCHE	['ACTGGAACATCATCTTTACATGTTTDTGATGGCAAGTTTCTGGCTCGGGTT']
3822	NM_005360.4(MAF):c.890A>G (p.Lys297Arg)	4094	MAF	['CTGAAGCAGAAGAGGCGGACCCTGARAAACCGCGGCTATGCCCAGTCCTGC']
3823	NM_002739.3(PRKCG):c.380A>G (p.Gln127Arg)	5582	PRKCG	['TCCCTCCTCTACGGGCTTGTGCACCRGGGCATGAAATGCTCCTGTGAGTGA']
3824	NM_002739.3(PRKCG):c.1081A>G (p.Ser361Gly)	5582	PRKCG	['CTTCCTCATGGTTCTAGGAAAAGGCRGTTTTGGGAAGGTTGGATTCCTGGG']
3825	NM_000141.4(FGFR2):c.983A>G (p.Tyr328Cys)	2263	FGFR2	['ACGGACAAAGAGATTGAGGTTCTCTRTATTCGGAATGTAACTTTTGAGGAC']
3826	NM_000141.4(FGFR2):c.1124A>G (p.Tyr375Cys)	2263	FGFR2	['AAGGAGATTACAGCTTCCCCAGACTRCCTGGAGATAGCCATTTACTGCATA']
3827	NM_000141.4(FGFR2):c.874A>G (p.Lys292Glu)	2263	FGFR2	['TGCCCAGCCCCACATCCAGTGGATCRAGCACGTGGAAAAGAACGGCAGTAA']
3828	NM_000141.4(FGFR2):c.1576A>G (p.Lys526Glu)	2263	FGFR2	['ACTGTTCATAGATGATGCCACAGAGRAAGACCTTTCTGATCTGGTGTCAGA']
3829	NM_000313.3(PROS1):c.773A>G (p.Asn258Ser)	5627	PROS1	['AACATGTGTGCTCAGCTTTGTGTCARTTACCCTGGAGGTTACACTTGCTAT']
3830	NM_000313.3(PROS1):c.586A>G (p.Lys196Glu)	5627	PROS1	['AAATGGTTTTGTTATGCTTTCAAATRAGAAAGATTGTAAAGGTAAGAGCAG']
3831	NM_002834.3(PTPN11):c.922A>G (p.Asn308Asp)	5781	PTPN11	['GCCTGTTTCAGATTACATCAATGCARATATCATCATGGTAAGCTTTGCTTT']
3832	NM_002834.3(PTPN11):c.923A>G (p.Asn308Ser)	5781	PTPN11	['CCTGTTTCAGATTACATCAATGCAAVTATCATCATGGTAAGCTTTGCTTTT']
3833	NM_002834.3(PTPN11):c.836A>G (p.Tyr279Cys)	5781	PTPN11	['CAAGAAAACAAAAACAAAAATAGATVTAAAAACATCCTGCCCTGTAAGTAT']
3834	NM_002834.3(PTPN11):c.182A>G (p.Asp61Gly)	5781	PTPN11	['CACATCAAGATTCAGAACACTGGTGNTTACTATGACCTGTATGGAGGGGAG']
3835	NM_002834.3(PTPN11):c.188A>G (p.Tyr63Cys)	5781	PTPN11	['AAGATTCAGAACACTGGTGATTACTRTGACCTGTATGGAGGGGAGAAATTT']
3836	NM_002834.3(PTPN11):c.227A>G	5781	PTPN11	['GGGGAGAAATTTGCCACTTTGGCTGNGTT

【表７－３３】

	(p.Glu76Gly)			GGTCCAGTATTACATGGAACAT']
3837	NM_002834.3(PTPN11):c.236A>G (p.Gln79Arg)	5781	PTPN11	['TTTGCCACTTTGGCTGAGTTGGTCCRGTAT TACATGGAACATCACGGGCAA']
3838	NM_002834.3(PTPN11):c.1529A> G (p.Gln510Arg)	5781	PTPN11	['TCAGGGATGGTCCAGACAGAAGCACVGTA CCGATTTATCTATATGGCGGTC']
3839	NM_002755.3(MAP2K1):c.389A> G (p.Tyr130Cys)	5604	MAP2K1	['AACTCTCCGTACATCGTGGGCTTCTRTGGT GCGTTCTACAGCGATGGCGAG']
3840	NM_006006.4(ZBTB16):c.1849A> G (p.Met617Val)	7704	ZBTB16	['CCAGCGCTCCCGGGACTACTCGGCCRTGAT CAAGCACCTGAGAACGCACAA']
3841	NM_000311.3(PRNP):c.385A>G (p.Met129Val)	5621	PRNP	['AGTGGTGGGGGGCCTTGGCGGCTACRTGC TGGGAAGTGCCATGAGCAGGCC']
3842	NM_000311.3(PRNP):c.650A>G (p.Gln217Arg)	5621	PRNP	['GTGGTTGAGCAGATGTGTATCACCCRGTAC GAGAGGGAATCTCAGGCCTAT']
3843	NM_000311.3(PRNP):c.547A>G (p.Thr183Ala)	5621	PRNP	['CTTTGTGCACGACTGCGTCAATATCRCAAT CAAGCAGCACACGGTCACCAC']
3844	NM_000311.3(PRNP):c.560A>G (p.His187Arg)	5621	PRNP	['TGCGTCAATATCACAATCAAGCAGCRCAC GGTCACCACAACCACCAAGGGG']
3845	NM_000371.3(TTR):c.401A>G (p.Tyr134Cys)	7276	TTR	['ACCATTGCCGCCCTGCTGAGCCCCTRCTCC TATTCCACCACGGCTGTCGTC']
3846	NM_000371.3(TTR):c.238A>G (p.Thr80Ala)	7276	TTR	['GTCTGGAGAGCTGCATGGGCTCACARCTG AGGAGGAATTTGTAGAAGGGAT']
3847	NM_000371.3(TTR):c.185A>G (p.Glu62Gly)	7276	TTR	['AGAAAGGCTGCTGATGACACCTGGGRGCC ATTTGCCTCTGGGTAAGTTGCC']
3848	NM_000371.3(TTR):c.205A>G (p.Thr69Ala)	7276	TTR	['CCAGACTTTCACACCTTATAGGAAARCCA GTGAGTCTGGAGAGCTGCATGG']
3849	NM_000371.3(TTR):c.379A>G (p.Ile127Val)	7276	TTR	['CGACTCCGGCCCCCGCCGCTACACCRTTGC CGCCCTGCTGAGCCCCTACTC']
3850	NM_000371.3(TTR):c.113A>G (p.Asp38Gly)	7276	TTR	['TGTCCTCTGATGGTCAAAGTTCTAGRTGCT GTCCGAGGCAGTCCTGCCATC']
3851	NM_000217.2(KCNA1):c.676A>G (p.Thr226Ala)	3736	KCNA1	['CACAGACCCCTTCTTCATCGTGGAARCGCT GTGTATCATCTGGTTCTCCTT']
3852	NM_000217.2(KCNA1):c.763A>G (p.Asn255Asp)	3736	KCNA1	['GACGGACTTCTTCAAAAACATCATGRACTT CATAGACATTGTGGCCATCAT']
3853	NM_002693.2(POLG):c.2864A>G (p.Tyr955Cys)	5428	POLG	['AAAATCTTCAACTACGGCCGCATCTRTGGT GCTGGGCAGCCCTTTGCTGAG']
3854	NM_002693.2(POLG):c.2591A>G (p.Asn864Ser)	5428	POLG	['GAGCCCACATGGCTCACCGCCAGCARTGC CCGGGTATGTGACCTCTGTACC']
3855	NM_000174.4(GP9):c.182A>G (p.Asn61Ser)	2815	GP9	['ACCCGCCACCTTCTGCTGGCCAACARCAGC CTTCAGTCCGTGCCCCCGGGA']
3856	NM_000174.4(GP9):c.110A>G (p.Asp37Gly)	2815	GP9	['CTGGAAACCATGGGGCTGTGGGTGGRCTG CAGGGGCCACGGACTCACGGCC']
3857	NM_006206.4(PDGFRA):c.1664A >G (p.Tyr555Cys)	5156	PDGFRA	['CCTGGTCATTTATAGAAACCGAGGTRTGA AATTCGCTGGAGGGTCATTGAA']
3858	NM_000301.3(PLG):c.112A>G	5340	PLG	['GGGGGCTTCACTGTTCAGTGTCACTRAGAA

【表７－３４】

	(p.Lys38Glu)			GCAGCTGGGAGCAGGAAGTAT']
3859	NM_000293.2(PHKB):c.306-2A>G	5257	PHKB	['GTTTCATGAGTTATCTCTCTCACCCRGGCG AATTGATGATGACAAGGGAAG']
3860	NM_000175.3(GPI):c.1028A>G (p.Gln343Arg)	2821	GPI	['ACACACGCCATGCTGCCCTATGACCRGTAC CTGCACCGCTTTGCTGCGTAC']
3861	NM_002633.2(PGM1):c.343A>G (p.Thr115Ala)	5236	PGM1	['CAAAGCCATTGGTGGGATCATTCTGRCAG CCAGTCACAACCCAGGGGGCCC']
3862	NM_006218.2(PIK3CA):c.3140A> G (p.His1047Arg)	5290	PIK3CA	['TTCATGAAACAAATGAATGATGCACDTCA TGGTGGCTGGACAACAAAAATG']
3863	NM_006218.2(PIK3CA):c.1634A> G (p.Glu545Gly)	5290	PIK3CA	['CGAGATCCTCTCTCTGAAATCACTGVGCAG GAGAAAGATTTTCTATGGAGT']
3864	NM_000478.4(ALPL):c.1250A>G (p.Asn417Ser)	249	ALPL	['CCCTTCACTGCCATCCTGTATGGCARTGGG CCTGGCTACAAGGTGGTGGGC']
3865 - 3867	NM_018849.2(ABCB4):c.523A>G (p.Thr175Ala)	5244	ABCB4	['AGAAATAAACAGGTATAAGATGTGARTTC AGTCCTCAAATAAACCTACTAT', 'TTCTATATGAAAGTGTGACATTAACRATGT ACCTACTCTGTTAGCCGCGYA', 'TTTCCTGTCGTAGAATAGCATGAAARAACT TCTGCCTAATTTTCCTGATCT']
3868	NM_001083116.1(PRF1):c.755A> G (p.Asn252Ser)	5551	PRF1	['CTGGCCCTGGAAGGGCTCACGGACARCGA GGTGGAGGACTGCCTGACTGTC']
3869	NM_198965.1(PTHLH):c.534A>G (p.Ter178Trp)	5744	PTHLH	['TTCCTTCTTTTTGCAGGAGGCATTGRAATT TTCAGCAGAGACCTTCCAAGG']
3870	NM_000316.2(PTH1R):c.668A>G (p.His223Arg)	5745	PTH1R	['CTGCACTGCACGCGCAACTACATCCRCATG CACCTGTTCCTGTCCTTCATG']
3871	NM_003122.4(SPINK1):c.101A>G (p.Asn34Ser)	6690	SPINK1	['TTCCATTTTTAGGCCAAATGTTACARTGAA CTTAATGGATGCACCAAGATA']
3872	NM_006194.3(PAX9):c.271A>G (p.Lys91Glu)	5083	PAX9	['CGTGGTGAAACACATCCGGACCTACRAGC AGAGAGACCCCGGCATCTTCGC']
3873	NM_013953.3(PAX8):c.160A>G (p.Ser54Gly)	-1	-	['CGACATCTCTCGCCAGCTCCGCGTCRGCCA TGGCTGCGTCAGCAAGATCCT']
3874	NM_005188.3(CBL):c.1144A>G (p.Lys382Glu)	867	CBL	['GATGGGCTCCACATTCCAACTATGTRAAAT ATGTGCTGAAAATGATAAGGA']
3875	NM_000222.2(KIT):c.2459A>G (p.Asp820Gly)	3815	KIT	['GGTCTAGCCAGAGACATCAAGAATGRTTC TAATTATGTGGTTAAAGGAAAC']
3876	NM_000222.2(KIT):c.2386A>G (p.Arg796Gly)	3815	KIT	['GTGTATTCACAGAGACTTGGCAGCCRGAA ATATCCTCCTTACTCATGGTCG']
3877	NM_000222.2(KIT):c.1924A>G (p.Lys642Glu)	3815	KIT	['ACGGGAAGCCCTCATGTCTGAACTCRAAG TCCTGAGTTACCTTGGTAATCA']
3878	NM_001005862.2(ERBB2):c.2480 A>G (p.Asn827Ser)	2064	ERBB2	['CGGAACGTGCTGGTCAAGAGTCCCARCCA TGTCAAAATTACAGACTTCGGG']
3879	NM_001127500.1(MET):c.3743A> G (p.Tyr1248Cys)	4233	MET	['GATTTTGGTCTTGCCAGAGACATGTRTGAT AAAGAATACTATAGTGTACAC']
3880	NM_001127500.1(MET):c.3335A>	4233	MET	['ACAGGGCATTTTGGTTGTGTATATCVTGGG

【表７－３５】

	G (p.His1112Arg)			ACTTTGTTGGACAATGATGGC']
3881	NM_001127500.1(MET):c.3785A>G (p.Lys1262Arg)	4233	MET	['AGTGTACACAACAAAACAGGTGCAARGCTGCCAGTGAAGTGGATGGCTTTG']
3882	NM_002524.4(NRAS):c.182A>G (p.Gln61Arg)	4893	NRAS	['TTGGACATACTGGATACAGCTGGACNAGAAGAGTACAGTGCCATGAGAGAC']
3883	NM_004333.4(BRAF):c.1801A>G (p.Lys601Glu)	673	BRAF	['AGGTGATTTTGGTCTAGCTACAGTGVAATCTCGATGGAGTGGGTCCCATCA']
3884	NM_004333.4(BRAF):c.1781A>G (p.Asp594Gly)	673	BRAF	['GAAGACCTCACAGTAAAAATAGGTGDTTTTGGTCTAGCTACAGTGAAATCT']
3885	NM_004333.4(BRAF):c.770A>G (p.Gln257Arg)	673	BRAF	['GACTTTTGTCGAAAGCTGCTTTTCCRGGGTTTCCGCTGTCAAACATGTGGT']
3886	NM_004333.4(BRAF):c.1495A>G (p.Lys499Glu)	673	BRAF	['TACACCTCAGCAGTTACAAGCCTTCRAAAATGAAGTAGGAGTACTCAGGTG']
3887	NM_004333.4(BRAF):c.1502A>G (p.Glu501Gly)	673	BRAF	['CAGCAGTTACAAGCCTTCAAAAATGNAGTAGGAGTACTCAGGTGAGCTTGT']
3888	NM_004333.4(BRAF):c.1741A>G (p.Asn581Asp)	673	BRAF	['CATCCACAGAGACCTCAAGAGTAATVGTATCCTTCCTGAAATTTGTCTGCG']
3889	NM_000270.3(PNP):c.383A>G (p.Asp128Gly)	4860	PNP	['CTGAACCCCAAGTTTGAGGTTGGAGRTATCATGCTGATCCGTGACCATATC']
3890	NM_000270.3(PNP):c.575A>G (p.Tyr192Cys)	4860	PNP	['CAACGTGAGCTACAGGAAGGCACCTRTGTGATGGTGGCAGGCCCCAGCTTT']
3891	NM_000258.2(MYL3):c.445A>G (p.Met149Val)	4634	MYL3	['CGACAAGGAGGGCAATGGCACTGTCRTGGGTGCTGAGCTTCGCCACGTGCT']
3892	NM_000257.3(MYH7):c.2333A>G (p.Asp778Gly)	4625	MYH7	['CTGGGGCTGCTGGAGGAAATGAGGGRCGAGAGGCTGAGCCGCATCATCACG']
3893	NM_000257.3(MYH7):c.2717A>G (p.Asp906Gly)	4625	MYH7	['CTGGCAGATGCTGAGGAGCGCTGTGRTCAGCTGATCAAAAACAAGATTCAG']
3894	NM_002470.3(MYH3):c.1385A>G (p.Asp462Gly)	4621	MYH3	['AGACAACACTTCATTGGTGTTTTGGRCATTGCAGGCTTTGAAATCTTTGAG']
3895	NM_000530.6(MPZ):c.286A>G (p.Lys96Glu)	4359	MPZ	['CTACATTGACGAGGTGGGGACCTTCRAAGAGCGCATCCAGTGGGTAGGGGA']
3896	NM_000530.6(MPZ):c.242A>G (p.His81Arg)	4359	MPZ	['TCCCCTCATTCCTCATAGATCTTCCRCTATGCCAAGGGACAACCCTACATT']
3897	NG_012123.1:g.2493A>G	6347	CCL2	['GAAAAGAAAGTCTTCTGGAAAGTGAYAGCTGTCTGCCTCCCACTTCTGCTC']
3898	RMRP:n.71A>G	6023	RMRP	['TGTTCCTCCCCTTTCCGCCTAGGGGRAAGTCCCCGGACCTCGGGCAGAGAG']
3899	NM_005006.6(NDUFS1):c.755A>G (p.Asp252Gly)	4719	NDUFS1	['TTTCTCAGAAAGACAGAATCCATTGRTGTAATGGATGCGGTTGGAAGTAAT']
3900	NM_005912.2(MC4R):c.508A>G (p.Ile170Val)	4160	MC4R	['GACAGTTAAGCGGGTTGGGATCATCRTAAGTTGTATCTGGGCAGCTTGCAC']
3901	NM_005912.2(MC4R):c.821A>G (p.Asn274Ser)	4160	MC4R	['ATATTCTACATCTCTTGTCCTCAGARTCCATATTGTGTGTGCTTCATGTCT']
3902	NM_005912.2(MC4R):c.289A>G	4160	MC4R	['GGCTGATATGCTGGTGAGCGTTTCARATGG

【表７－３６】

	(p.Asn97Asp)			ATCAGAAACCATTGTCATCAC']
3903	NM_005912.2(MC4R):c.185A>G (p.Asn62Ser)	4160	MC4R	['CTGGGTGTCATCAGCTTGTTGGAGARTATC TTAGTGATTGTGGCAATAGCC']
3904	NM_000900.3(MGP):c.62-2A>G	4256	MGP	['AAGATTCCATGCTTTCATGTGATTCHGAAA TTAAAAAAAAAAGATTCATTA']
3905	NM_012064.3(MIP):c.401A>G (p.Glu134Gly)	4284	MIP	['AGCGTGGGCCAGGCAACCACAGTGGRGAT CTTCCTGACGCTCCAGTTCGTG']
3906	NM_000233.3(LHCGR):c.1733A> G (p.Asp578Gly)	-1	-	['AAAATGGCAATCCTCATCTTCACCGRTTTC ACCTGCATGGCACCTATCTCT']
3907	NM_000233.3(LHCGR):c.1691A> G (p.Asp564Gly)	-1	-	['CCAGAATTAATGGCTACCAATAAAGRTAC AAAGATTGCTAAGAAAATGGCA']
3908	NM_000894.2(LHB):c.221A>G (p.Gln74Arg)	3972	LHB	['CAGGCGGTCCTGCCGCCCCTGCCTCRGGTG GTGTGCACCTACCGTGATGTG']
3909	NM_000238.3(KCNH2):c.1408A> G (p.Asn470Asp)	3757	KCNH2	['CATGTTCATTGTGGACATCCTCATCRACTT CCGCACCACCTACGTCAATGC']
3910	NM_001754.4(RUNX1):c.328A>G (p.Lys110Glu)	861	RUNX1	['GCTGCCTACGCACTGGCGCTGCAACRAGA CCCTGCCCATCGCTTTCAAGGT']
3911	NM_170707.3(LMNA):c.608A>G (p.Glu203Gly)	4000	LMNA	['AACAGGCTGCAGACCATGAAGGAGGDACT GGACTTCCAGAAGAACATCTAC']
3912	NM_000421.3(KRT10):c.1315A>G (p.Lys439Glu)	-1	-	['TGAATACCAACAACTCCTGGATATTDAGA TCCGACTGGAGAATGAAATTCA']
3913	NM_000421.3(KRT10):c.1374-2A>G	-1	-	['CCGCCGCGTCCGCCGCCTCCGGAACYAAA CGGGGTGAGGTCACATTCGGTT']
3914	NM_000422.2(KRT17):c.274A>G (p.Asn92Asp)	3872	KRT17	['TGAGAAGGCCACCATGCAGAACCTCVATG ACCGCCTGGCCTCCTACCTGGA']
3915	NM_000422.2(KRT17):c.275A>G (p.Asn92Ser)	3872	KRT17	['GAGAAGGCCACCATGCAGAACCTCARTGA CCGCCTGGCCTCCTACCTGGAC']
3916	NM_005557.3(KRT16):c.374A>G (p.Asn125Ser)	3868	KRT16	['GAGAAGGTGACCATGCAGAACCTCARTGA CCGCCTGGCCTCCTACCTGGAC']
3917	NM_000526.4(KRT14):c.368A>G (p.Asn123Ser)	3861	KRT14	['GAGAAGGTGACCATGCAGAACCTCARTGA CCGCCTGGCCTCCTACCTGGAC']
3918	NM_000424.3(KRT5):c.1424A>G (p.Glu475Gly)	3852	KRT5	['ATCGCCACTTACCGCAAGCTGCTGGRGGG CGAGGAATGCAGGTGAGTAGAC']
3919	NM_000418.3(IL4R):c.223A>G (p.Ile75Val)	3566	IL4R	['CTGTGTCTGCAGAGCCCACACGTGTNTCCC TGAGAACAACGGAGGCGCGGG']
3920	NM_001079817.1(INSR):c.1459A> G (p.Lys487Glu)	3643	INSR	['CCAGGAGAGAAACGACATTGCCCTGRAGA CCAATGGGGACCAGGCATCCTG']
3921	NM_000208.2(INSR):c.707A>G (p.His236Arg)	3643	INSR	['TGCACCGCCGAAGGCCTCTGTTGCCRCAGC GAGTGCCTGGGCAACTGTTCT']
3922	NM_000208.2(INSR):c.1466A>G (p.Asn489Ser)	3643	INSR	['AGAAACGACATTGCCCTGAAGACCARTGG GGACCAGGCATCCTGTAAGTCA']
3923	NM_000208.2(INSR):c.1124-2A>G	3643	INSR	['CTTCTAGCTCAGCTGCCAGATTGTCYAAGG AAAGGAGAGAATATCCAGTGG']
3924	NM_000208.2(INSR):c.1372A>G	3643	INSR	['TCAGGGGAAACTCTTCTTCCACTATRACCC

【表７－３７】

	(p.Asn458Asp)			CAAACTCTGCTTGTCAGAAAT']
3925	NM_000454.4(SOD1):c.131A>G (p.His44Arg)	6647	SOD1	['ATTAAAGGACTGACTGAAGGCCTGCRTGG ATTCCATGTTCATGAGTTTGGA']
3926	NM_000454.4(SOD1):c.302A>G (p.Glu101Gly)	6647	SOD1	['GATGGTGTGGCCGATGTGTCTATTGRAGAT TCTGTGATCTCACTCTCAGGA']
3927	NM_000454.4(SOD1):c.140A>G (p.His47Arg)	6647	SOD1	['CTGACTGAAGGCCTGCATGGATTCCRTGTT CATGAGTTTGGAGATAATACA']
3928	NM_000454.4(SOD1):c.242A>G (p.His81Arg)	6647	SOD1	['ATCTGATGCTTTTTCATTATTAGGCRTGTT GGAGACTTGGGCAATGTGACT']
3929	NM_000183.2(HADHB):c.788A>G (p.Asp263Gly)	3032	HADHB	['GCACAGGATGAAGGACTCCTTTCTGRTGTG GTACCCTTCAAAGTACCAGGT']
3930	NM_000523.3(HOXD13):c.974A> G (p.Gln325Arg)	3239	HOXD13	['GAGAGACAAGTGACCATTTGGTTTCRGAA CCGAAGAGTGAAGGACAAGAAA']
3931	NM_000545.6(HNF1A):c.365A>G (p.Tyr122Cys)	6927	HNF1A	['CGTGTGGCGAAGATGGTCAAGTCCTRCCT GCAGCAGCACAACATCCCACAG']
3932	NM_000519.3(HBD):c.-81A>G	3045	HBD	['CTGGAGCAGGGAGGACAGGACCAGCRTAA AAGGCAGGGCAGAGTCGACTGT']
3933	NM_000518.4(HBB):c.199A>G (p.Lys67Glu)	3043	HBB	['CCCTAAGGTGAAGGCTCATGGCAAGRAAG TGCTCGGTGCCTTTAGTGATGG']
3934	NM_000518.4(HBB):c.59A>G (p.Asn20Ser)	3043	HBB	['GTTACTGCCCTGTGGGGCAAGGTGARCGT GGATGAAGTTGGTGGTGAGGCC']
3935	NM_000518.4(HBB):c.-81A>G	3043	HBB	['GGGAGGGCAGGAGCCAGGGCTGGGCVTA AAAGTCAGGGCAGAGCCATCTAT']
3936	NM_000518.4(HBB):c.-50-29A>G	3043	HBB	['GAGGGCAGGAGCCAGGGCTGGGCATRAAA GTCAGGGCAGAGCCATCTATTG']
3937	NM_000518.4(HBB):c.-78A>G	3043	HBB	['AGGGCAGGAGCCAGGGCTGGGCATAVAA GTCAGGGCAGAGCCATCTATTGC']
3938	NM_000518.4(HBB):c.*113A>G	3043	HBB	['TGAGCATCTGGATTCTGCCTAATAARAAAC ATTTATTTTCATTGCAATGAT']
3939	NM_000518.4(HBB):c.*112A>G	3043	HBB	['TTGAGCATCTGGATTCTGCCTAATADAAAA CATTTATTTTCATTGCAATGA']
3940	NM_000518.4(HBB):c.*111A>G	3043	HBB	['CTTGAGCATCTGGATTCTGCCTAATRAAAA ACATTTATTTTCATTGCAATG']
3941	NM_000518.4(HBB):c.80A>G (p.Glu27Gly)	3043	HBB	['GTGAACGTGGATGAAGTTGGTGGTGNGGC CCTGGGCAGGTTGGTATCAAGG']
3942	NM_000518.4(HBB):c.247A>G (p.Lys83Glu)	3043	HBB	['TGGCCTGGCTCACCTGGACAACCTCVAGG GCACCTTTGCCACACTGAGTGA']
3943	NM_000517.4(HBA2):c.1A>G (p.Met1Val)	3040	HBA2	['CCCACAGACTCAGAGAGAACCCACCRTGG TGCTGTCTCCTGCCGACAAGAC']
3944	NM_000517.4(HBA2):c.*92A>G	3040	HBA2	['CACCGGCCCTTCCTGGTCTTTGAATRAAGT CTGAGTGGGCAGCAGCCTGTG']
3945	NM_000517.4(HBA2):c.96-2A>G	3040	HBA2	['CACCCCTCACTCTGCTTCTCCCCGCRGGAT GTTCCTGTCCTTCCCCACCAC']
3946	NM_006121.3(KRT1):c.1445A>G	3848	KRT1	['GCCCTGGATCTGGAGATTGCCACCTRCAG

【表７－３８】

	(p.Tyr482Cys)			GACCCTCCTGGAGGGAGAAGAA']
3947	NM_001077488.3(GNAS):c.1A>G (p.Met1Val)	2778	GNAS	['GCGCCCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCRTGG GCTGCCTCGGGAACAGTAAGAC']
3948	NM_000516.5(GNAS):c.680A>G (p.Gln227Arg)	2778	GNAS	['ACCAGCATGTTTGACGTGGGTGGCCDGCG CGATGAACGCCGCAAGTGGATC']
3949	NM_000515.4(GH1):c.413A>G (p.Asp138Gly)	2688	GH1	['GGCGCCTCTGACAGCAACGTCTATGRCCTC CTAAAGGACCTAGAGGAAGGC']
3950	NM_000823.3(GHRHR):c.985A>G (p.Lys329Glu)	2692	GHRHR	['TTGTCTTTCCTGCAGGCGTCTCTCCRAGTC GACACTTTTCCTGATCCCACT']
3951	NM_002890.2(RASA1):c.1198A>G (p.Lys400Glu)	5921	RASA1	['GACCAATGAAAATATTCAGCGATTTRAAA TATGTCCAACGCCAAACAATCA']
3952	NM_002890.2(RASA1):c.1201A>G (p.Ile401Val)	5921	RASA1	['CAATGAAAATATTCAGCGATTTAAARTAT GTCCAACGCCAAACAATCAGTT']
3953	NM_000406.2(GNRHR):c.317A>G (p.Gln106Arg)	2798	GNRHR	['GATGGGATGTGGAACATTACAGTCCRATG GTATGCTGGAGAGTTACTCTGC']
3954	NM_000406.2(GNRHR):c.851A>G (p.Tyr284Cys)	2798	GNRHR	['TTTACTGTCTGCTGGACTCCCTACTRTGTC CTAGGAATTTGGTATTGGTTT']
3955	NM_000407.4(GP1BB):c.338A>G (p.Tyr113Cys)	-1	-	['GCCGGCCGCCCCGAGCGTGCGCCCTDCCG CGACCTGCGTTGCGTGGCGCCC']
3956	NM_021957.3(GYS2):c.116A>G (p.Asn39Ser)	2998	GYS2	['TTTGAAGTTGCTTGGGAAGTGACCARTAA AGGTTTGTACTGCTCCTGAAGG']
3957	NM_001146040.1(GLRA1):c.920A >G (p.Tyr307Cys)	2741	GLRA1	['CCTCCACCCCCACTCTAGGTGTCCTVTGTG AAAGCCATTGACATTTGGATG']
3958	NM_001146040.1(GLRA1):c.910A >G (p.Lys304Glu)	2741	GLRA1	['CTCCGGCTCTCGAGCATCTCTGCCCRAGGT AAGTCCCATTGCCCAAGAGCA']
3959	NM_000171.3(GLRA1):c.523A>G (p.Met175Val)	2741	GLRA1	['CCCCATGGACTTGAAGAATTTCCCCRTGGA TGTCCAGACATGTATCATGCA']
3960	NM_000162.3(GCK):c.641A>G (p.Tyr214Cys)	2645	GCK	['ACGGTGGCCACGATGATCTCCTGCTRCTAC GAAGACCATCAGTGCGAGGTC']
3961	NM_000145.3(FSHR):c.1345A>G (p.Thr449Ala)	2492	FSHR	['AGGCTGTGATGCTGCTGGCTTTTTCRCTGT CTTTGCCAGTGAGCTGTCAGT']
3962	NM_182925.4(FLT4):c.3104A>G (p.His1035Arg)	2324	FLT4	['CGCCTCCCCGCACCCCAGTGCATCCRCAGA GACCTGGCTGCTCGGAACATT']
3963	NM_023110.2(FGFR1):c.1121A>G (p.Tyr374Cys)	2260	FGFR1	['CCGGCAGTGATGACCTCGCCCCTGTRCCTG GAGATCATCATCTATTGCACA']
3964	NM_006894.5(FMO3):c.182A>G (p.Asn61Ser)	2328	FMO3	['AGCATTTACAAATCAGTCTTTTCCARCTCT TCCAAAGAGATGATGTGTTTC']
3965	NM_001002294.2(FMO3):c.923A> G (p.Glu308Gly)	2328	FMO3	['AAGCCTAACGTGAAGGAATTCACAGRGAC CTCGGCCATTTTTGAGGATGGG']
3966	NM_212482.1(FN1):c.2918A>G (p.Tyr973Cys)	2335	FN1	['ACCGGGCTGTCCCCTGGGGTCACCTRTTAC TTCAAAGTCTTTGCAGTGAGC']
3967	NM_000142.4(FGFR3):c.1948A>G (p.Lys650Glu)	2261	FGFR3	['CGTGCACAACCTCGACTACTACAAGVAGA CAACCAACGTGAGCCCGGCCCT']
3968	NM_000142.4(FGFR3):c.1118A>G	2261	FGFR3	['GAGGCTGACGAGGCGGGCAGTGTGTRTGC

【表７－３９】

	(p.Tyr373Cys)			AGGCATCCTCAGCTACGGGGTG']
3969	NM_000142.4(FGFR3):c.1612A>G (p.Ile538Val)	2261	FGFR3	['GTGCAGGCGCCCAGCAGGTTGATGAYGTT TTTGTGTTTCCCGATCATCTTC']
3970	NM_000142.4(FGFR3):c.1619A>G (p.Asn540Ser)	2261	FGFR3	['GCCCTGCGTGCAGGCGCCCAGCAGGBTGA TGATGTTTTTGTGTTTCCCGAT']
3971	NM_000142.4(FGFR3):c.833A>G (p.Tyr278Cys)	2261	FGFR3	['GACGTGGAGTTCCACTGCAAGGTGTRCAG TGACGCACAGCCCCACATCCAG']
3972	NM_000138.4(FBN1):c.6431A>G (p.Asn2144Ser)	2200	FBN1	['GTCTGTAAACATGGACAGTGCATCARTAC AGATGGTTCCTATCGCTGCGAG']
3973	NM_000138.4(FBN1):c.3128A>G (p.Lys1043Arg)	2200	FBN1	['ATACCCAGCCTCTGCACCCACGGCARGTG CAGAAACACCATTGGCAGCTTT']
3974	NM_000138.4(FBN1):c.2261A>G (p.Tyr754Cys)	2200	FBN1	['TATAAATGTATATGCAATTCAGGATRTGAA GTGGATTCAACTGGGAAAAAC']
3975	NM_000146.3(FTL):c.-160A>G	2512	FTL	['CCGCGGGTCTGTCTCTTGCTTCAACRGTGT TTGGACGGAACAGATCCGGGG']
3976	NM_000043.4(FAS):c.695A>G (p.Tyr232Cys)	355	FAS	['TTTTCAGATGTTGACTTGAGTAAATRTATC ACCACTATTGCTGGAGTCATG']
3977	NM_000043.4(FAS):c.763A>G (p.Asn255Asp)	355	FAS	['AGGCTTTGTTCGAAAGAATGGTGTCRATG AAGCCAAAATAGATGAGATCAA']
3978	NM_000043.4(FAS):c.353A>G (p.Asn118Ser)	355	FAS	['TTTCTAGGCTTAGAAGTGGAAATAARCTGC ACCCGGACCCAGAATACCAAG']
3979	NM_000129.3(F13A1):c.851A>G (p.Tyr284Cys)	2162	F13A1	['CTCGTTGGATCCTGGGACAATATCTRTGCC TATGGCGTCCCCCCATCGGCC']
3980	NM_000121.3(EPOR):c.1460A>G (p.Asn487Ser)	2057	EPOR	['GGCTTATCCGATGGCCCCTACTCCARCCCT TATGAGAACAGCCTTATCCCA']
3981	NM_207034.2(EDN3):c.335A>G (p.His112Arg)	1908	EDN3	['GACAAGGAGTGTGTCTACTATTGCCRCCTG GACATCATTTGGATCAACACT']
3982	NM_001257988.1(TYMP):c.665A>G (p.Lys222Arg)	1890	TYMP	['CAGAGCGGACAGCCCCTCCACGAGTYTCT TACTGAGAATGGAGGCTTTGGG']
3983	NM_003286.2(TOP1):c.1598A>G (p.Asp533Gly)	-1	-	['GTAGAGTTTGACTTCCTCGGGAAGGRCTCC ATCAGATACTATAACAAGGTC']
3984	NM_001943.3(DSG2):c.797A>G (p.Asn266Ser)	1829	DSG2	['GTTCAGATTCGTATTTTGGATGTCARTGAC AATATACCTGTAGTAGAAAAT']
3985	NM_001943.3(DSG2):c.1880-2A>G	1829	DSG2	['TCTGTGTTCAATTTTGTGTCTGTACRGTGG TACCACTTTTACTGCTGATGT']
3986	NM_024422.4(DSC2):c.631-2A>G	1824	DSC2	['TTTCTCCTTATTTTACTCTCTTCACRGATAA TTGCCTTTGCAACAACTCCA']
3987	NG_012088.1:g.2209A>G	3586	IL10	['CCAGGATGGTCTCGATCTCCTGACCYTATG ATCCGCCCGCCTTGGCCTCCC']
3988	NM_000498.3(CYP11B2):c.1492A>G (p.Thr498Ala)	-1	-	['GAGGCCTGGCACGTCCCCCCTCCTCRCTTT CAGAGCGATTAACTAGTCTTG']
3989	NM_000941.2(POR):c.1733A>G (p.Tyr578Cys)	5447	POR	['CGCCGCTCGGATGAGGACTACCTGTRCCG GGAGGAGCTGGCGCAGTTCCAC']
3990	NM_000941.2(POR):c.15A>G	5447	POR	['CTAACAGTTTCATGATCAACATGGGRGACT

【表７－４０】

	(p.Gly5=)			CCCACGTGGACACCAGCTCCA']
3991	NM_001885.2(CRYAB):c.358A>G (p.Arg120Gly)	1410	CRYAB	['TGGTTTCATCTCCAGGGAGTTCCACRGGAA ATACCGGATCCCAGCTGATGT']
3992	NM_021954.3(GJA3):c.188A>G (p.Asn63Ser)	2700	GJA3	['AACACCCAGCAGCCGGGCTGCGAGARCGT CTGCTACGACAGGGCCTTCCCC']
3993	NM_004004.5(GJB2):c.218A>G (p.His73Arg)	2706	GJB2	['TACGATCACTACTTCCCCATCTCCCRCATC CGGCTATGGGCCCTGCAGCTG']
3994	NM_001735.2(C5):c.1115A>G (p.Lys372Arg)	727	C5	['CGTCTACCCCCTCACCCAATCTACCYTGAT GGGATATGGAATCCCAGGCTT']
3995	NM_001848.2(COL6A1):c.362A> G (p.Lys121Arg)	1291	COL6A1	['CTCAAAAGCAGCGTGGACGCGGTCARGTA CTTTGGGAAGGGCACCTACACC']
3996	NM_000093.4(COL5A1):c.655- 2A>G	1289	COL5A1	['TTTTCATGAGCGTCTCTTCTTTTCCRGGGTG ACATCCAGCAGCTGCTCTTT']
3997	NM_000089.3(COL1A2):c.226- 2A>G	1278	COL1A2	['TATAATTTTTTTTTTTTACTTCTCTRGAACT TTGCTGCTCAGTATGATGGA']
3998	NM_000089.3(COL1A2):c.70+717 A>G	1278	COL1A2	['GAGTGGGTACATTCTGAAAAGTAATRTAA GTGTCTCAATTCACTTTCTAGT']
3999	NM_001844.4(COL2A1):c.4172A> G (p.Tyr1391Cys)	1280	COL2A1	['ACGGAAGGCTCCCAGAACATCACCTRCCA CTGCAAGAACAGCATTGCCTAT']
4000	NM_001844.4(COL2A1):c.2974A> G (p.Arg992Gly)	1280	COL2A1	['CGGTCTGCCTGGGCAACGTGGTGAGRGAG GATTCCCTGGCTTGCCTGGCCC']
4001	NM_000493.3(COL10A1):c.1790A >G (p.Tyr597Cys)	-1	-	['TTTACTTGTCAGATACCAGGAATATRCTAT TTTTCATACCACGTGCATGTG']
4002	NM_004385.4(VCAN):c.4004- 2A>G	1462	VCAN	['GTATTGTGAAAACTCTGTTTTTTTCDGGTC GAATGAGTGATTTGAGTGTAA']
4003	NM_020549.4(CHAT):c.1444A>G (p.Arg482Gly)	1103	CHAT	['CGTCAGCGAGCTCCCCGCCCCCCGGVGGC TGCGGTGGAAATGCTCCCCGGA']
4004	NM_000078.2(CETP):c.1376A>G (p.Asp459Gly)	1071	CETP	['AACAGCAAAGGCGTGAGCCTCTTCGRCAT CATCAACCCTGAGATTATCACT']
4005	NM_000083.2(CLCN1):c.1655A>G (p.Gln552Arg)	1180	CLCN1	['GTGATTTGCTTCGAATTAACGGGTCDGATT GCTCACATCCTGCCCATGATG']
4006	NM_000083.2(CLCN1):c.382A>G (p.Met128Val)	1180	CLCN1	['CTTTCTGGTGCTTCTGGGACTGCTGRTGGC TCTGGTCAGCTGGAGCATGGA']
4007	NM_199440.1(HSPD1):c.86A>G (p.Asp29Gly)	3329	HSPD1	['CATCTCACTCGGGCTTATGCCAAAGRTGTA AAATTTGGTGCAGATGCCCGA']
4008	NM_001904.3(CTNNB1):c.95A>G (p.Asp32Gly)	1499	CTNNB1	['CACTGGCAGCAACAGTCTTACCTGGNCTCT GGAATCCATTCTGGTGCCACT']
4009	NM_001904.3(CTNNB1):c.121A> G (p.Thr41Ala)	1499	CTNNB1	['CTCTGGAATCCATTCTGGTGCCACTNCCAC AGCTCCTTCTCTGAGTGGTAA']
4010	NM_007294.3(BRCA1):c.211A>G (p.Arg71Gly)	672	BRCA1	['TTTATGTAAGAATGATATAACCAAARGGT ATATAATTTGGTAATGATGCTA']
4011	NM_001202.3(BMP4):c.278A>G (p.Glu93Gly)	652	BMP4	['GATCTTTACCGGCTTCAGTCTGGGGRGGAG GAGGAAGAGCAGATCCACAGC']
4012	NM_000342.3(SLC4A1):c.166A>G	6521	SLC4A1	['CACCACATCACACCCGGGTACCCACRAGG

【表７－４１】

	(p.Lys56Glu)			TGAGGACCCCAGCCTCCTCCGT']
4013	NM_000342.3(SLC4A1):c.2509A>G (p.Thr837Ala)	6521	SLC4A1	['GAAGACCTGGCGCATGCACTTATTCRCGGGCATCCAGATCATCTGCCTGGC']
4014	NM_001681.3(ATP2A2):c.2300A>G (p.Asn767Ser)	488	ATP2A2	['TTCATCCGCTACCTCATCTCGTCCARCGTCGGGGAAGTTGTCTGGTAGGTC']
4015	NM_000486.5(AQP2):c.203A>G (p.Asn68Ser)	359	AQP2	['GGCCACATAAGCGGGGCCCACATCAVCCCTGCCGTGACTGTGGCCTGCCTG']
4016	NM_000041.3(APOE):c.237-2A>G	348	APOE	['GACACCCTCCCGCCCTCTCGGCCGCRGGGCGCTGATGGACGAGACCATGAA']
4017	NM_000041.3(APOE):c.490A>G (p.Lys164Glu)	348	APOE	['CGCCTCCCACCTGCGCAAGCTGCGTVAGCGGCTCCTCCGCGATGCCGATGA']
4018	NM_000041.3(APOE):c.178A>G (p.Thr60Ala)	348	APOE	['TTGGGATTACCTGCGCTGGGTGCAGRCACTGTCTGAGCAGGTGCAGGAGGA']
4019	NM_000040.1(APOC3):c.280A>G (p.Thr94Ala)	345	APOC3	['GGATTTGGACCCTGAGGTCAGACCARCTTCAGCCGTGGCTGCCTGAGACCT']
4020	NM_000040.1(APOC3):c.232A>G (p.Lys78Glu)	345	APOC3	['CCTGAAAGACTACTGGAGCACCGTTRAGGACAAGTTCTCTGAGTTCTGGGA']
4021	NM_001042425.1(TFAP2A):c.751A>G (p.Arg251Gly)	7020	TFAP2A	['GTCGCTGCTGGGCGGAGTGCTCCGGVGGTGAGGCCCGGCACGGCCCCGCCC']
4022	NM_000488.3(SERPINC1):c.655A>G (p.Asn219Asp)	462	SERPINC1	['TGCAGAGCAATCCAGAGCGGCCATCRACAAATGGGTGTCCAATAAGACCGA']
4023	NM_001085.4(SERPINA3):c.1240A>G (p.Met414Val)	12	SERPINA3	['TACAGACACCCAGAACATCTTCTTCRTGAGCAAAGTCACCAATCCCAAGCA']
4024	NM_001148.4(ANK2):c.4373A>G (p.Glu1458Gly)	287	ANK2	['TGCATGGCATCTTGGGGCGGAAAGGRATCAGAGTCAGATCAAGAACAGGAG']
4025	NM_001145.4(ANG):c.121A>G (p.Lys41Glu)	-1	-	['CTTCCTGACCCAGCACTATGATGCCRAACCACAGGGCCGGGATGACAGATA']
4026	NM_001145.4(ANG):c.208A>G (p.Ile70Val)	-1	-	['ACCCTGCAAAGACATCAACACATTTRTTCATGGCAACAAGCGCAGCATCAA']
4027	NM_000484.3(APP):c.2146A>G (p.Ile716Val)	351	APP	['GGGCGGTGTTGTCATAGCGACAGTGRTCGTCATCACCTTGGTGATGCTGAA']
4028	NM_000484.3(APP):c.2078A>G (p.Glu693Gly)	351	APP	['TTTGTTTTCAAGGTGTTCTTTGCAGRAGATGTGGGTTCAAACAAAGGTGCA']
4029	NM_000484.3(APP):c.2140A>G (p.Thr714Ala)	351	APP	['CATGGTGGGCGGTGTTGTCATAGCGRCAGTGATCGTCATCACCTTGGTGAT']
4030	NM_000021.3(PSEN1):c.488A>G (p.His163Arg)	5663	PSEN1	['AAATGCTTTCTTTTCTAGGTCATCCRTGCCTGGCTTATTATATCATCTCTA']
4031	NM_000021.3(PSEN1):c.415A>G (p.Met139Val)	5663	PSEN1	['GCACTCAATTCTGAATGCTGCCATCRTGATCAGTGTCATTGTTGTCATGAC']
4032	NM_000021.3(PSEN1):c.436A>G (p.Met146Val)	5663	PSEN1	['CATCATGATCAGTGTCATTGTTGTCNTGACTATCCTCCTGGTGGTTCTGTA']
4033	NM_000021.3(PSEN1):c.839A>G (p.Glu280Gly)	5663	PSEN1	['GTTGAAACAGCTCAGGAGAGAAATGVAACGCTTTTTCCAGCTCTCATTTAC']
4034	NM_000021.3(PSEN1):c.998A>G	5663	PSEN1	['CAAGACACTGTTGCAGAGAATGATGRTGG

【表７－４２】

	(p.Asp333Gly)			CGGGTTCAGTGAGGAATGGGAA']
4035	NM_000034.3(ALDOA):c.386A>G (p.Asp129Gly)	226	ALDOA	['CCCCTTCCTCTTCTCTTAGGGTTGGRTGGG CTGTCTGAGCGCTGTGCCCAG']
4036	NM_000477.5(ALB):c.714-2A>G	213	ALB	['CATTTTGATTGGCGATTTTCTTTTTDGGGC AGTAGCTCGCCTGAGCCAGAG']
4037	NM_001151.3(SLC25A4):c.311A> G (p.Asp104Gly)	291	SLC25A4	['AAGCAGCTCTTCTTAGGGGGTGTGGRTCG GCATAAGCAGTTCTGGCGCTAC']
4038	NM_013411.4(AK2):c.1A>G (p.Met1Val)	204	AK2	['GTGGCAGTGAGAGACTTCGGCGGACRTGG CTCCCAGCGTGCCAGCGGCAGA']
4039	NM_013411.4(AK2):c.494A>G (p.Asp165Gly)	204	AK2	['AACCCTCCAAAAGAGCCCATGAAAGRTGA CGTATGTAAACTCAGGACAAAA']
4040	NM_000476.2(AK1):c.491A>G (p.Tyr164Cys)	203	AK1	['GCCACAGAACCCGTCATCGCCTTCTRTGAG AAACGTGGCATTGTGCGCAAG']
4041	NM_001100.3(ACTA1):c.350A>G (p.Asn117Ser)	58	ACTA1	['GAGGCCCCCCTCAATCCCAAGGCCARCCG CGAGAAGATGACCCAGATCATG']
4042	NM_001103.3(ACTN2):c.26A>G (p.Gln9Arg)	88	ACTN2	['ATGAACCAGATAGAGCCCGGCGTGCRGTA CAACTACGTGTACGACGAGGAT']
4043	NM_005159.4(ACTC1):c.1088A>G (p.Glu363Gly)	-1	-	['CAGCAAATGTGGATTAGCAAGCAAGRGTA CGATGAGGCAGGCCCATCCATT']
4044	NM_005159.4(ACTC1):c.373A>G (p.Met125Val)	-1	-	['CAACCGGGAGAAGATGACTCAGATCRTGT TTGAGACCTTCAATGTCCCTGC']
4045	NM_018109.3(MTPAP):c.1432A> G (p.Asn478Asp)	55149	MTPAP	['TGATTCTTCTCCTCTGTACATTCAGRATCC ATTTGAAACTTCTCTCAACAT']
4046	NM_016955.3(SEPSECS):c.1001A >G (p.Tyr334Cys)	51091	SEPSECS	['TTATTGTCACTTGGATCAAATGGCTRTAAG AAGCTACTAAAAGAAAGAAAG']
4047	NM_014053.3(FLVCR1):c.361A> G (p.Asn121Asp)	28982	FLVCR1	['GATCTTCAGCCTGTACTCGCTGGTCRACGC CTTTCAGTGGATCCAGTACAG']
4048	NM_000021.3(PSEN1):c.697A>G (p.Met233Val)	5663	PSEN1	['ATATCTCATTATGATTAGTGCCCTCDTGGC CCTGGTGTTTATCAAGTACCT']
4049	NM_000207.2(INS):c.323A>G (p.Tyr108Cys)	-1	-	['TGCTCCCTCTACCAGCTGGAGAACTRCTGC AACTAGACGCAGCCCGCAGGC']
4050	NM_000334.4(SCN4A):c.4078A>G (p.Met1360Val)	6329	SCN4A	['GAAGCAGGCCTTCGACATCACCATCRTGA TCCTCATCTGCCTCAACATGGT']
4051	NM_000334.4(SCN4A):c.4108A>G (p.Met1370Val)	6329	SCN4A	['CCTCATCTGCCTCAACATGGTCACCRTGAT GGTGGAGACAGACAACCAGAG']
4052	NM_000518.4(HBB):c.316-2A>G	3043	HBB	['TTCATACCTCTTATCTTCCTCCCACVGCTCC TGGGCAACGTGCTGGTCTGT']
4053	NM_000525.3(KCNJ11):c.155A>G (p.Gln52Arg)	3767	KCNJ11	['GTGGCCCACAAGAACATCCGGGAGCRGGG CCGCTTCCTGCAGGACGTGTTC']
4054	NM_000525.3(KCNJ11):c.544A>G (p.Ile182Val)	3767	KCNJ11	['AGCCCACCGCAGGGCTGAGACCCTCRTCTT CAGCAAGCATGCGGTGATCGC']
4055	NM_000525.3(KCNJ11):c.886A>G (p.Ile296Val)	3767	KCNJ11	['GGAAGGCGTGGTGGAAACCACGGGCVTCA CCACCCAGGCCCGCACCTCCTA']
4056	NM_000525.3(KCNJ11):c.989A>G	3767	KCNJ11	['GAGGACGGACGTTACTCTGTGGACTRCTCC

【表７－４３】

	(p.Tyr330Cys)			AAGTTTGGCAACACCGTCAAA']
4057	NM_000528.3(MAN2B1):c.1831-2A>G	4125	MAN2B1	['CCCATCTGTGGACCCTTTTCTGCCCRGCACATCCGGGCAACGTTTGATCCT']
4058	NM_000639.2(FASLG):c.466A>G (p.Arg156Gly)	356	FASLG	['ATTTATTTCAGGCAAGTCCAACTCARGGTCCATGCCTCTGGAATGGGAAGA']
4059	NM_000920.3(PC):c.1705A>G (p.Thr569Ala)	5091	PC	['CCCGGGGCTGCTGCTGATGGACACGRCCTTCAGGGACGCCCACCAGTCACT']
4060	NM_001017420.2(ESCO2):c.1132-7A>G	157570	ESCO2	['AATGGGTTTCTTTTTTTACCCCCCARTTATAGGACGCTGGTCAGAAACATT']
4061	NM_001017420.2(ESCO2):c.1674-2A>G	157570	ESCO2	['ATTAAATCATCTTTTCTTCTCTTTTRGGAATTGCTTCATGTTTGGCTGTTT']
4062	NM_001129765.1(NSDHL):c.1046A>G (p.Tyr349Cys)	50814	NSDHL	['GAGAGAGCCAAAAAGGCCATGGGCTVCCAGCCACTAGTGACCATGGATGAT']
4063	NM_001701.3(BAAT):c.967A>G (p.Ile323Val)	570	BAAT	['AGAGGCCCAGGGGCAATTCCTCTTCRTTGTAGGAGAAGGTGATAAGACTAT']
4064	NM_002977.3(SCN9A):c.406A>G (p.Ile136Val)	6335	SCN9A	['ATTCAGCATGCTCATCATGTGCACTRTTCTGACAAACTGCATATTTATGAC']
4065	NM_004004.5(GJB2):c.487A>G (p.Met163Val)	2706	GJB2	['CTATGTCATGTACGACGGCTTCTCCRTGCAGCGGCTGGTGAAGTGCAACGC']
4066	NM_004519.3(KCNQ3):c.1403A>G (p.Asn468Ser)	3786	KCNQ3	['GAACCAAAGCCTGTTGGCTTAAACARTAAAGAGCGTTTCCGCACGGCCTTC']
4067	NM_004519.3(KCNQ3):c.2462A>G (p.Asn821Ser)	3786	KCNQ3	['AGAGATGATTATGTGTTCGGCCCCARTGGGGGGTCGAGCTGGATGAGGGAG']
4068	NM_004519.3(KCNQ3):c.914A>G (p.Asp305Gly)	3786	KCNQ3	['AAAGAGGAGTTTGAGACCTATGCAGRTGCCCTGTGGTGGGGCCTGGTGAGT']
4069	NM_004525.2(LRP2):c.770-2A>G	4036	LRP2	['TGTAACTCTCTCTTTTTCCCCCCACRGAAAGCGGTCCTCATGATGTTCATA']
4070	NM_007375.3(TARDBP):c.1055A>G (p.Asn352Ser)	23435	TARDBP	['CAGAACCAGTCAGGCCCATCGGGTARTAACCAAAACCAAGGCAACATGCAG']
4071	NM_007375.3(TARDBP):c.800A>G (p.Asn267Ser)	23435	TARDBP	['AATGCCGAACCTAAGCACAATAGCARTAGACAGTTAGAAAGAAGTGGAAGA']
4072	NM_012434.4(SLC17A5):c.406A>G (p.Lys136Glu)	26503	SLC17A5	['ATATGTTGCCAGCAAAATAGGGGGGDAAATGCTGCTAGGATTTGGGATCCT']
4073	NM_012463.3(ATP6V0A2):c.732-2A>G	23545	ATP6V0A2	['AGACTGTGTTCAACTCTTGTCTTCCRGCTACCACTGCCACGTGTACCCCTA']
4074	NM_014043.3(CHMP2B):c.85A>G (p.Ile29Val)	25978	CHMP2B	['GTTACGAGGTACACAGAGGGCTATARTCAGAGATCGAGCAGCTTTAGAGAA']
4075	NM_018136.4(ASPM):c.2761-25A>G	259266	ASPM	['AGCAAAATTATAATATTGGAATATARTATCTGGAACTTATTTCTTTATAGG']
4076	NM_022081.5(HPS4):c.461A>G (p.His154Arg)	89781	HPS4	['ATTCTGAAAAACACCAGTGATCTGCRTAAGATTTTCAATTCCCTCTGGAAC']
4077	NM_024649.4(BBS1):c.1340-2A>G	-1	-	['GTCAGCCTCTGGGACCCTTCTCCACRGCCATGCACCGGGCCTTCCAGACAG']
4078	NM_032520.4(GNPTG):c.610-	84572	GNPTG	['TGCTGCCCCTGCATCCTCCACCTTCRGGGC

【表７－４４】

	2A>G			CATGAGAAGTTGCTGAGGACA']
4079	NM_172107.2(KCNQ2):c.1A>G (p.Met1Val)	3785	KCNQ2	['CCCGGGGCGCCTCCCGCCAGGCACCRTGG TGCAGAAGTCGCGCAACGGCGG']
4080	NM_172107.2(KCNQ2):c.356A>G (p.Glu119Gly)	3785	KCNQ2	['GTGTTTTCCACCATCAAGGAGTATGRGAA GAGCTCGGAGGGGGCCCTCTAC']
4081	NM_172107.2(KCNQ2):c.622A>G (p.Met208Val)	3785	KCNQ2	['CCTGCGCTTCCTGCAGATTCTGCGGRTGAT CCGCATGGACCGGCGGGGAGG']
4082	NM_172107.2(KCNQ2):c.635A>G (p.Asp212Gly)	3785	KCNQ2	['CAGATTCTGCGGATGATCCGCATGGRCCG GCGGGGAGGCACCTGGAAGCTG']
4083	NM_172107.2(KCNQ2):c.773A>G (p.Asn258Ser)	3785	KCNQ2	['GTGTACTTGGCAGAGAAGGGGGAGARCGA CCACTTTGACACCTACGCGGAT']
4084	NM_172107.2(KCNQ2):c.1764-2A>G	3785	KCNQ2	['ATGCTTTGGGGTCTCTGTTCCCGGTRGAGT GGACCAGATCGTGGGGCGGGG']
4085	NM_000495.4(COL4A5):c.1A>G (p.Met1Val)	1287	COL4A5	['AAGGAGCTGCGGGAGCCGGAGAAGARTG AAACTGCGTGGAGTCAGCCTGGC']
4086	NM_000495.4(COL4A5):c.466-2A>G	1287	COL4A5	['AGAACTTCCATTGATGGCTTCTTTTRGGGT GAACCAGGTAGTATAATTATG']
4087	NM_000495.4(COL4A5):c.547-2A>G	1287	COL4A5	['TCATTTTCTTTACTCACTTTATAACRGGGC CTACCTGGTCCCACTGGTATA']
4088	NM_000495.4(COL4A5):c.610-2A>G	1287	COL4A5	['ATTTTCTCTTTTGTCTTCTCTTCTTRGGGCC CTCCTGGTCCACCAGGACTT']
4089	NM_000495.4(COL4A5):c.892-2A>G	1287	COL4A5	['GCCCTATCATTTCTTTGTATCCTATRGGGT AAACCAGGCAAAGATGGAGAA']
4090	NM_000495.4(COL4A5):c.1340-2A>G	1287	COL4A5	['TTGCTATCCTTTCTTTATCTTACTCRGGTGA TGAGATATGTGAACCAGGCC']
4091	NM_000495.4(COL4A5):c.2042-18A>G	1287	COL4A5	['TTCTTTGAACGTTTTCCTTTCAATARCTGCT GTTTCTCCATAGGTGACCCT']
4092	NM_000495.4(COL4A5):c.2147-2A>G	1287	COL4A5	['GTTAAAAAATGACTTATCATTTTACRGGCT TTCCTGGAATTCCAGGACCTC']
4093	NM_000495.4(COL4A5):c.2394A>G (p.Lys798=)	1287	COL4A5	['GCTTAGATGGGCTCCCTGGACCAAARGGT ATGGAGGCTGTCACTGCATCTC']
4094	NM_000495.4(COL4A5):c.2510-33A>G	1287	COL4A5	['CAGATACATCTTTTAAAACTGCTTCRGTAC TTATTAATATTGATATTGTAT']
4095	NM_000495.4(COL4A5):c.2692A>G (p.Met898Val)	1287	COL4A5	['ATTCTTCAAAGGTACCAAAGGTGAARTGG GTATGATGGGACCTCCAGGCCC']
4096	NM_000495.4(COL4A5):c.2746A>G (p.Ser916Gly)	1287	COL4A5	['AGGACCTTTGGGAATTCCTGGCAGGRGTG GTGTACCTGGTCTTAAAGGTAA']
4097	NM_000495.4(COL4A5):c.3107-2A>G	1287	COL4A5	['ATATTATATATCACATATTTTCAACRGGGC CTCAGGGTGTGGAAGGGCCTC']
4098	NM_000495.4(COL4A5):c.3455-9A>G	1287	COL4A5	['AACTGGGTGTAACCTGCTGTACTCARTTTT TTAGGTGGTGGAGGTCATCCT']
4099	NM_000495.4(COL4A5):c.3605-2A>G	1287	COL4A5	['TCTTCTAATTATACTTTACTTTCATRGGCCA AAAGGGTGATGGAGGATTAC']
4100	NM_000495.4(COL4A5):c.3925-	1287	COL4A5	['GTAACATTAATGATTTTATTTATTCRGGGT

【表７－４５】

	2A>G			AATCCTGGCCGGCCGGGTCTC']
4101	NM_000495.4(COL4A5):c.3998-2A>G	1287	COL4A5	['ATAAAACTGTATGTACCTTCTGTGCDGGCATGAAAGGACCCAGTGGAGTAC']
4102	NM_000495.4(COL4A5):c.4790A>G (p.Tyr1597Cys)	1287	COL4A5	['GGATGGGATTCTCTGTGGATTGGTTRTTCCTTCATGATGGTATTTTACACT']
4103	NM_000495.4(COL4A5):c.4977-2A>G	1287	COL4A5	['CTGATTGTCTTATTTCTTATTTCCCRGTAAACCTCAGTCAGAAACGCTGAA']
4104	NM_005359.5(SMAD4):c.425-6A>G	4089	SMAD4	['TTTCATTTGTTTTCCCCTTTAAACARTTAAGATCTCTCAGGATTAACACTG']
4105	NM_005359.5(SMAD4):c.989A>G (p.Glu330Gly)	4089	SMAD4	['TATTGGTGTTCCATTGCTTACTTTGRAATGGATGTTCAGGTAGGAGAGACA']
4106	NM_020630.4(RET):c.1996A>G (p.Lys666Glu)	5979	RET	['CCACTGCTACCACAAGTTTGCCCACVAGCCACCCATCTCCTCAGCTGAGAT']
4107	NM_020630.4(RET):c.2342A>G (p.Gln781Arg)	5979	RET	['CTGTCAGAGTTCAACGTCCTGAAGCRGGTCAACCACCCACATGTCATCAAA']
4108	NM_000060.3(BTD):c.194A>G (p.His65Arg)	686	BTD	['TATTATGTGGCTGCCGTGTATGAGCRTCCATCCATCCTGAGTCTGAACCCT']
4109	NM_000060.3(BTD):c.278A>G (p.Tyr93Cys)	686	BTD	['CTCATGAACCAGAACCTTGACATCTRTGAACAGCAAGTGATGACTGCAGCC']
4110	NM_000060.3(BTD):c.356A>G (p.Asn119Ser)	686	BTD	['CCAGAAGATGGCATTCATGGATTCARCTTTACAAGAACATCCATTTATCCA']
4111	NM_000060.3(BTD):c.364A>G (p.Arg122Gly)	686	BTD	['TGGCATTCATGGATTCAACTTTACARGAACATCCATTTATCCATTTTTGGA']
4112	NM_000060.3(BTD):c.515A>G (p.Asn172Ser)	686	BTD	['AGGGGAGATATGTTCTTGGTGGCCARTCTTGGGACAAAGGAGCCTTGTCAT']
4113	NM_000060.3(BTD):c.583A>G (p.Asn195Asp)	686	BTD	['CCCAAAAGATGGGAGATACCAGTTCRACACAAATGTCGTGTTCAGCAATAA']
4114	NM_000060.3(BTD):c.584A>G (p.Asn195Ser)	686	BTD	['CCAAAAGATGGGAGATACCAGTTCARCACAAATGTCGTGTTCAGCAATAAT']
4115	NM_000060.3(BTD):c.641A>G (p.Asn214Ser)	686	BTD	['CTTGTTGACCGCTACCGTAAACACARCCTCTACTTTGAGGCAGCATTCGAT']
4116	NM_000060.3(BTD):c.880A>G (p.Ile294Val)	686	BTD	['GAAAGCTTTTGCTGTTGCCTTTGGCRTCAACGTTCTGGCAGCTAATGTCCA']
4117	NM_000060.3(BTD):c.1205A>G (p.Asn402Ser)	686	BTD	['TTTCACTCTGAGATGATGTATGACARTTTCACCCTGGTCCCTGTCTGGGGA']
4118	NM_000060.3(BTD):c.1313A>G (p.Tyr438Cys)	686	BTD	['AGGCCCACCTTATCCAAAGAGCTGTRTGCCCTGGGGGTCTTTGATGGGCTT']
4119	NM_000060.3(BTD):c.1619A>G (p.Tyr540Cys)	686	BTD	['ACGGCGGCTCTCTATGGGCGCTTGTRTGAGAGGGACTAGGAAAAGTGTGTG']
4120	NM_000155.3(GALT):c.1A>G (p.Met1Val)	2592	GALT	['TTCCAGCGGATCCCCCGGTGGCCTCRTGTCGCGCAGTGGAACCGATCCTCA']
4121	NM_000155.3(GALT):c.67A>G (p.Thr23Ala)	2592	GALT	['GTCAGAGGCGGACGCCGCAGCAGCARCCTTCCGGGCAAACGGTAACTGCAC']
4122	NM_000155.3(GALT):c.253-2A>G	2592	GALT	['GTGCTTCTAGCCTATCCTTGTCGGTRGGTG

【表７－４６】

				AATCCCCAGTACGATAGCACC']
4123	NM_000155.3(GALT):c.290A>G (p.Asn97Ser)	2592	GALT	['TACGATAGCACCTTCCTGTTTGACARCGAC TTCCCAGCTCTGCAGCCTGAT']
4124	NM_000155.3(GALT):c.308A>G (p.Gln103Arg)	2592	GALT	['TTTGACAACGACTTCCCAGCTCTGCRGCCT GATGCCCCCAGTCCAGGTAAC']
4125	NM_000155.3(GALT):c.379A>G (p.Lys127Glu)	2592	GALT	['ATCTTTTCTCCCGTCACCACCCAGTRAGGT CATGTGCTTCCACCCCTGGTC']
4126	NM_000155.3(GALT):c.424A>G (p.Met142Val)	2592	GALT	['CTGGTCGGATGTAACGCTGCCACTCRTGTC GGTCCCTGAGATCCGGGCTGT']
4127	NM_000155.3(GALT):c.565-2A>G	2592	GALT	['TTCTTCTCTGCTTTTGCCCCTTGACRGGTAT GGGCCAGCAGTTTCCTGCCA']
4128	NM_000155.3(GALT):c.574A>G (p.Ser192Gly)	2592	GALT	['TTTTGCCCCTTGACAGGTATGGGCCRGCAG TTTCCTGCCAGATATTGCCCA']
4129	NM_000155.3(GALT):c.626A>G (p.Tyr209Cys)	2592	GALT	['CGTGAGGAGCGATCTCAGCAGGCCTVTAA GAGTCAGCATGGAGAGCCCCTG']
4130	NM_000155.3(GALT):c.752A>G (p.Tyr251Cys)	2592	GALT	['GTCCCCTTCTGGGCAACATGGCCCTVCCAG ACACTGCTGCTGCCCGTCGGC']
4131	NM_000155.3(GALT):c.812A>G (p.Glu271Gly)	2592	GALT	['CGGCTACCTGAGCTGACCCCTGCTGRGCGT GATGGTCAGTCTCCCAAGTAG']
4132	NM_000155.3(GALT):c.821-2A>G	2592	GALT	['AGGCTGAGAGTCAGGCTCTGATTCCRGAT CTAGCCTCCATCATGAAGAAGC']
4133	NM_000155.3(GALT):c.854A>G (p.Lys285Arg)	2592	GALT	['TCCATCATGAAGAAGCTCTTGACCARGTAT GACAACCTCTTTGAGACGTCC']
4134	NM_000155.3(GALT):c.968A>G (p.Tyr323Cys)	2592	GALT	['CATTGGCAGCTGCACGCTCATTACTRCCCT CCGCTCCTGCGCTCTGCCACT']
4135	NM_000155.3(GALT):c.1001A>G (p.Lys334Arg)	2592	GALT	['CTCCTGCGCTCTGCCACTGTCCGGARATTC ATGGTTGGCTACGAAATGCTT']
4136	NM_000155.3(GALT):c.1048A>G (p.Thr350Ala)	2592	GALT	['GCTTGCTCAGGCTCAGAGGGACCTCRCCCC TGAGCAGGTCAGGACTCAGAA']
4137	NM_000155.3(GALT):c.1132A>G (p.Ile378Val)	2592	GALT	['GCAGAAGGACAGGGAGACAGCAACCRTCG CCTGACCACGCCGACCACAGGG']
4138	NM_000553.4(WRN):c.403A>G (p.Lys135Glu)	7486	WRN	['GTTGCTTGAAAATAAAGCAGTTAAARAGG CAGGTGTAGGAATTGAAGGAGA']
4139	NM_000433.3(NCF2):c.481A>G (p.Lys161Glu)	4688	NCF2	['CTTACCCAGACACACTCCATCGCCTYGTCG ATTTTGGAATGTCTGGGCTCA']
4140	NM_198056.2(SCN5A):c.1673A>G (p.His558Arg)	6331	SCN5A	['ACAGCGGGGGAGAGCGAGAGCCACCRCAC ATCACTGCTGGTGCCCTGGCCC']
4141	NM_000074.2(CD40LG):c.386A>G (p.Glu129Gly)	959	CD40LG	['CAAATTGCGGCACATGTCATAAGTGRGGC CAGCAGTAAAACAACATCTGGT']
4142	NM_002863.4(PYGL):c.1016A>G (p.Asn339Ser)	5836	PYGL	['CCCACCCAGGTGGCCATCCAGCTGARTGA CACTCACCCTGCACTCGCGATC']
4143	NM_000142.4(FGFR3):c.1454A>G (p.Gln485Arg)	2261	FGFR3	['CCCCTTGGGGAGGGCTGCTTCGGCCRGGT GGTCATGGCGGAGGCCATCGGC']
4144	NM_001101.3(ACTB):c.34A>G	60	ACTB	['TGATATCGCCGCGCTCGTCGTCGACVACG

【表７－４７】

	(p.Asn12Asp)			GCTCCGGCATGTGCAAGGCCGG']
4145	NM_001202.3(BMP4):c.362A>G (p.His121Arg)	652	BMP4	['TGGGGGAAGAGACTGACCTTCGTGGYGGA AGCTCCTCACGGTGTTGGCCCG']
4146	NM_000094.3(COL7A1):c.425A> G (p.Lys142Arg)	1294	COL7A1	['CAGCTGGCCCGACCTGGTGTCCCCARGGT GATCCCTACCCCTACCATGCCT']
	NM_001130823.1(DNMT1):c.1532 A>G (p.Tyr511Cys)	1786	DNMT1	[]
4147	NM_000138.4(FBN1):c.5096A>G (p.Tyr1699Cys)	2200	FBN1	['AGAAGAAGTTTGTGCTACAGAAACTRCTA TGCTGACAACCAGACCTGTGAT']
4148	NM_000138.4(FBN1):c.5087A>G (p.Tyr1696Cys)	2200	FBN1	['CTAGATATGAGAAGAAGTTTGTGCTRCAG AAACTACTATGCTGACAACCAG']
4149	NM_000138.4(FBN1):c.5099A>G (p.Tyr1700Cys)	2200	FBN1	['AGAAGTTTGTGCTACAGAAACTACTRTGCT GACAACCAGACCTGTGATGGA']
4150	NM_001244710.1(GFPT1):c.43A> G (p.Thr15Ala)	2673	GFPT1	['TTACTTAAACTACCATGTTCCTCGARCGAG ACGAGAAATCCTGGAGACCCT']
4151	NM_002292.3(LAMB2):c.440A>G (p.His147Arg)	3913	LAMB2	['CTGGAGGCTGAGTTTCATTTCACACRCCTC ATTATGACCTTCAAGGTGCCT']
4152	NM_005211.3(CSF1R):c.1754-2A>G	1436	CSF1R	['GACTTAAGGGACCTGTGTGCGTGGCRGGT AAGACCCTCGGAGCTGGAGCCT']
4153	NM_005247.2(FGF3):c.146A>G (p.Tyr49Cys)	2248	FGF3	['GGGGCGCCCCGGCGCCGCAAGCTCTRCTG CGCCACGAAGTACCACCTCCAG']
4154	NM_005247.2(FGF3):c.317A>G (p.Tyr106Cys)	2248	FGF3	['GCCATGAACAAGAGGGGACGACTCTRTGC TTCGGTGAGTCCAGGCTGTCAC']
4155	NM_005188.3(CBL):c.1112A>G (p.Tyr371Cys)	867	CBL	['TAATCAAAGGAACAATATGAATTATRCTG TGAGATGGGCTCCACATTCCAA']
4156	NM_000313.3(PROS1):c.701A>G (p.Tyr234Cys)	5627	PROS1	['TGTGAATGCCCCGAAGGCTACAGATRTAA TCTCAAATCAAAGTCTTGTGAA']
4157	NM_000329.2(RPE65):c.1292A>G (p.Tyr431Cys)	6121	RPE65	['TACCAGAAGTATTGTGGGAAACCTTRCAC ATATGCGTATGGACTTGGCTTG']
4158	NM_001040142.1(SCN2A):c.4419 A>G (p.Ile1473Met)	6326	SCN2A	['TGAATCTTTTCATTGGTGTCATCATRGATA ACTTCAACCAACAGAAAAAGA']
4159	NM_001040142.1(SCN2A):c.754A >G (p.Met252Val)	6326	SCN2A	['GTCAGTGAAGAAGCTTTCTGATGTCRTGAT CTTGACTGTGTTCTGTCTAAG']
4160	NM_004612.3(TGFBR1):c.134A> G (p.Asn45Ser)	7046	TGFBR1	['TTCTGCCACCTCTGTACAAAAGACARTTTT ACTTGTGTGACAGATGGGCTC']
4161	NM_003688.3(CASK):c.2168A>G (p.Tyr723Cys)	8573	CASK	['TTTGATCAATTAGATCTTGTCACATRTGAA GAAGTAGTAAAACTGCCAGCA']
4162	NM_015884.3(MBTPS2):c.1523A> G (p.Asn508Ser)	51360	MBTPS2	['GGTGGCAGTGTACTTTTGGCTGCCARTGTG ACCCTGGGACTCTGGATGGTT']
4163	m.10450A>G	4573	MT-TR	['ACGAATGATTTCGACTCATTAAATTRTGAT AATCATATTTACCAAATGCCC']
4164	m.5816A>G	4511	MT-TC	['GAATTTGCAATTCAATATGAAAATCRCCTC GGAGCTGGTAAAAAGAGGCCT']
4165	m.608A>G	4558	MT-TF	['GTAGCTTACCTCCTCAAAGCAATACRCTGA

【表７－４８】

				AAATGTTTAGACGGGCTCACA']
4166	NM_172337.2(OTX2):c.674A>G (p.Asn225Ser)	5015	OTX2	['CTGATTGAGATGGCTGGTGACTGCAYTGG TACCCATGGGACTGAGTGTGGC']
4167	NM_001376.4(DYNC1H1):c.917A >G (p.His306Arg)	1778	DYNC1H1	['CTCCTGACTCTGGATATCTTGAAACRTGGC AAGCGCTTCCATGCCACCGTC']
4168	NM_001376.4(DYNC1H1):c.2011 A>G (p.Lys671Glu)	1778	DYNC1H1	['GAAGCGGGTGGAAGATGTCCTTGGCRAGG GCTGGGAGAATCACGTGGAGGG']
4169	NM_001376.4(DYNC1H1):c.2909 A>G (p.Tyr970Cys)	1778	DYNC1H1	['CTAAGAATAACCAATCAGGTAATCTRCTTG AATCCACCAATTGAAGAGTGC']
4170	NM_004380.2(CREBBP):c.2728A> G (p.Thr910Ala)	1387	CREBBP	['ACTGTAGGGGTGCTCTGGGTTTGGGHAGC ACTGGGCACTGAGCCAGGAGTC']
4171	NM_000459.4(TEK):c.2690A>G (p.Tyr897Cys)	7010	TEK	['ATGCTCTCTTCCTTCCCTCCAGGCTVCTTGT ACCTGGCCATTGAGTACGCG']
4172	NM_001354.5(AKR1C2):c.235A> G (p.Ile79Val)	1646	AKR1C2	['AGATGGCAGTGTGAAGAGAGAAGACRTAT TCTACACTTCAAAGGTACTGTG']
4173	NM_007315.3(STAT1):c.604A>G (p.Met202Val)	6772	STAT1	['ACAAGAACAGCTGTTACTCAAGAAGRTGT ATTTAATGCTTGACAATAAGAG']
4174	NM_007315.3(STAT1):c.494A>G (p.Asp165Gly)	6772	STAT1	['GAGCATGAAATCAAGAGCCTGGAAGRTTT ACAAGATGAATATGACTTCAAA']
4175	NM_007315.3(STAT1):c.862A>G (p.Thr288Ala)	6772	STAT1	['GTTGGAGGAATTGGAACAGAAATACRCCT ACGAACATGACCCTATCACAAA']
4176	NM_002052.4(GATA4):c.928A>G (p.Met310Val)	2626	GATA4	['CCTCCAGGTCCCCAGGCCTCTTGCARTGCG GAAAGAGGGGATCCAAACCAG']
4177	NM_014191.3(SCN8A):c.5302A>G (p.Asn1768Asp)	6334	SCN8A	['CATGTACATTGCCATCATCCTGGAGRACTT CAGTGTAGCCACAGAGGAAAG']
4178	NM_000209.3(PDX1):c.533A>G (p.Glu178Gly)	3651	PDX1	['TACATCTCACGGCCGCGCCGGGTGGRGCT GGCTGTCATGTTGAACTTGACC']
4179	NM_000890.3(KCNJ5):c.472A>G (p.Thr158Ala)	3762	KCNJ5	['CATTGGGTATGGCTTCCGAGTCATCRCAGA GAAGTGTCCAGAGGGGATTAT']
4180	NM_000256.3(MYBPC3):c.2234A >G (p.Asp745Gly)	4607	MYBPC3	['ACGGTCGAGGGGGCAGAGAAGGAAGRTG AGGGCGTCTACACGGTCACAGTG']
4181	NM_005359.5(SMAD4):c.1498A> G (p.Ile500Val)	4089	SMAD4	['TGTTGATGACCTTCGTCGCTTATGCRTACT CAGGATGAGTTTTGTGAAAGG']
4182	NM_005359.5(SMAD4):c.1500A> G (p.Ile500Met)	4089	SMAD4	['TTGATGACCTTCGTCGCTTATGCATRCTCA GGATGAGTTTTGTGAAAGGCT']
4183	NM_001184.3(ATR):c.6431A>G (p.Gln2144Arg)	545	ATR	['TATCAATTTTTGACTGCTTTTTCACRATTGA TCTCTCGAATTTGTCATTCT']
4184	NM_153427.2(PITX2):c.262A>G (p.Lys88Glu)	5308	PITX2	['CCCCAACCGCCCCCAGGTTTGGTTCRAGAA TCGTCGGGCCAAATGGAGAAA']
4185	NM_005257.5(GATA6):c.1354A> G (p.Thr452Ala)	2627	GATA6	['CTGTGCCAACTGTCACACCACAACTRCCAC CTTATGGCGCAGAAACGCCGA']
4186	NM_005257.5(GATA6):c.1396A> G (p.Asn466Asp)	2627	GATA6	['AAACGCCGAGGGTGAACCCGTGTGCVATG CTTGTGGACTCTACATGAAACT']
4187	NM_000414.3(HSD17B4):c.650A>	3295	HSD17B4	['CTTGTGGAAGCCCTGAAGCCAGAGTRTGT

【表７－４９】

	G (p.Tyr217Cys)			GGCACCTCTTGTCCTTTGGCTT']
4188	NM_004153.3(ORC1):c.380A>G (p.Glu127Gly)	4998	ORC1	['GCCTGTGACAGCAACATTAATGCGGRGAC CATCATTGGCCTTGTTCGGGTA']
4189	NM_002552.4(ORC4):c.521A>G (p.Tyr174Cys)	5000	ORC4	['CATCATAAAAACCAAACACTTCTCTRTAAT CTTTTTGACATTTCTCAGTCT']
4190	NM_004656.3(BAP1):c.2057-2A>G	8314	BAP1	['GCTCCACTAGGTTGGCCAGCATGCCYGCG AAGAGGTAGAGACCCTTGAGCA']
4191	NM_004656.3(BAP1):c.438-2A>G	8314	BAP1	['TCAGGGAGGTGGCGTGGCTCGGGCCYGGG GAAAAACAGAGTCAGGGCCCAA']
	NM_003590.4(CUL3):c.1238A>G (p.Asp413Gly)	8452	CUL3	[]
4192	NM_004813.2(PEX16):c.992A>G (p.Tyr331Cys)	9409	PEX16	['TACTTGCCCACCTGGCAGAAAATCTRCTTC TACAGTTGGGGCTGACAGACC']
4193	NM_004544.3(NDUFA10):c.1A>G (p.Met1Val)	4705	NDUFA10	['TTGATCCTGAGCTGACCGGGTAGCCRTGGC CTTGCGGCTCCTGAAGCTGGC']
4194	NM_004544.3(NDUFA10):c.425A >G (p.Gln142Arg)	4705	NDUFA10	['TGGTTGTACAGCAGTCGCCTGCTGCRGTAC TCAGATGCCTTGGAGCACTTG']
4195	NM_006796.2(AFG3L2):c.1996A> G (p.Met666Val)	10939	AFG3L2	['TATTTTTCAGATTGTTCAGTTTGGCDTGAA TGAAAAGGTTGGGCAAATCTC']
4196	NM_006796.2(AFG3L2):c.1847A> G (p.Tyr616Cys)	10939	AFG3L2	['TATTTACCAAAAGAACAATACCTCTRTACC AAAGAGCAGCTCTTGGATAGG']
4197	NM_001199397.1(NEK1):c.869-2A>G	4750	NEK1	['CAAAATTCTTTGTATCTTTTCATCTRGCTA AAAGACCAGCTTCAGGACAAA']
4198	NM_006587.3(CORIN):c.949A>G (p.Lys317Glu)	10699	CORIN	['GAATCTGTTTCACTGTCACACAGGCRAGTG CCTTAATTACAGCCTTGTGTG']
4199	NM_006587.3(CORIN):c.1414A>G (p.Ser472Gly)	10699	CORIN	['CATGAATTTGCCCTACAACAGTACARGTTA TCCAAATTATTTTGGCCACAG']
4200	NM_015560.2(OPA1):c.1294A>G (p.Ile432Val)	4976	OPA1	['AGCTTACATGCAGAATCCTAATGCCRTCAT ACTGTGTATTCAAGGTAAATC']
4201	NM_021625.4(TRPV4):c.1805A>G (p.Tyr602Cys)	59341	TRPV4	['CGTGGGCTGAAGCTGACGGGGACCTRTAG CATCATGATCCAGAAGGTACGG']
4202	NM_021625.4(TRPV4):c.590A>G (p.Lys197Arg)	59341	TRPV4	['TCTACGGGGAAGACCTGCCTGCCCARGGC CTTGCTGAACCTGAGCAATGGC']
4203	NM_021625.4(TRPV4):c.826A>G (p.Lys276Glu)	59341	TRPV4	['GGCCCGTGGGCGCTTCTTCCAGCCCRAGG ATGAGGGGGGCTACTTCTACTT']
4204	NM_024022.2(TMPRSS3):c.308A> G (p.Asp103Gly)	64699	TMPRSS3	['GTCTCGGATTGCAAAGACGGGGAGGRCGA GTACCGCTGTGGTAAGGTCATG']
4205	NM_016599.4(MYOZ2):c.738A>G (p.Ile246Met)	51778	MYOZ2	['GATGGATATCTGAGAATATTCCTATRGTGA TAACAACCGAACCTACAGATG']
	NM_017415.2(KLHL3):c.1670A>G (p.Tyr557Cys)	26249	KLHL3	[]
4206	NM_019109.4(ALG1):c.1129A>G (p.Met377Val)	56052	ALG1	['GTCCTCCAGTGGCCTGGACCTGCCCRTGAA GGTGGTGGACATGTTCGGGTG']
4207	NM_031885.3(BBS2):c.472-2A>G	583	BBS2	['GCTAATGGTTTGGGGTTTTATTTTCRGGTT

【表７－５０】

				ACTGGAGACAATGTTAATTCC']
4208	NM_006886.3(ATP5E):c.35A>G (p.Tyr12Cys)	-1	-	['TACCTTCTCTCATTTTCTCCCAGCTRCATCC GATACTCCCAGATCTGTGCA']
4209	NM_022445.3(TPK1):c.656A>G (p.Asn219Ser)	27010	TPK1	['CACAACACCAGACCCGTCGTAGGTAYTGG AAGTACTGACCAATGTTCCAAA']
4210	NM_000017.3(ACADS):c.1031A> G (p.Glu344Gly)	35	ACADS	['CTCTGACTGTACCCCCATGTTTAGGRGGCA GCCATGGCCAAGCTGGCCGCC']
4211	NM_016013.3(NDUFAF1):c.758A >G (p.Lys253Arg)	51103	NDUFAF1	['GGGGGACCCTACTGGCAGGAGGTCARGGT AACAGCATAAATCTTCATTGTT']
4212	NM_032580.3(HES7):c.172A>G (p.Ile58Val)	84667	HES7	['GAACCCGAAGCTGGAGAAAGCGGAGRTAT TGGAGTTCGCCGTGGGCTACTT']
4213	NM_024887.3(DHDDS):c.124A>G (p.Lys42Glu)	79947	DHDDS	['GGACGGGAACCGTCGCTATGCCAAGRAGT GCCAGGTGGAGCGGCAGGAAGG']
4214	NM_024700.3(SNIP1):c.1097A>G (p.Glu366Gly)	79753	SNIP1	['CTCAAATTTGGATTCAGTAGCAGAGRATA CGTCTTGCTCCATGAGTCGTCG']
4215	NM_206933.2(USH2A):c.7595- 2144A>G	7399	USH2A	['AATTGAACACCTCTCCTTTCCCAAGRTAAG AGATCATCTTTAAGAAAAGGC']
4216	NM_016952.4(CDON):c.2368A>G (p.Thr790Ala)	50937	CDON	['GTTTTTGTTTTCCCTCAAAGGTTCARCATA CAAATTTAGGGTCATTGCCAT']
4217	NM_020435.3(GJC2):c.-167A>G	57165	GJC2	['AGACCCTGAGGCCGAGGGGGGAACARTGG GGCCCTTGAGGGCCCCTCCTCC']
4218	NM_024549.5(TCTN1):c.221- 2A>G	79600	TCTN1	['TGGATCCTACCCCTCTTTTTTCTGCRGTTGC TGTTCTCTGTGTCTGTGACT']
4219	NM_031427.3(DNAL1):c.449A>G (p.Asn150Ser)	83544	DNAL1	['CTCGAAGACCTGGTGTTTGTAGGCARTCCC TTGGAAGAGAAACATTCTGCT']
4220	NM_145046.4(CALR3):c.245A>G (p.Lys82Arg)	125972	CALR3	['AGTTTTCCCTTTATTGCTGAACGGTYTGAA GCGTGCAGAGATGGCATAGAA']
4221	NM_020320.3(RARS2):c.1024A>G (p.Met342Val)	57038	RARS2	['AATGGACAAGTATAATTTTGATACARTGAT ATATGTGGTAAGTAATCAGAA']
4222	NM_020320.3(RARS2):c.35A>G (p.Gln12Arg)	57038	RARS2	['CTCTGCGCGCTCCGGGATCCATACCYGGC AAGCAATAGCGCGGCGAAAGCC']
4223	NM_001017361.2(KHDC3L):c.1A >G (p.Met1Val)	154288	KHDC3L	['TGTCTCCTGCAGGACCGGCCGCAGCRTGG ACGCTCCCAGGCGGTTTCCGAC']
4224	NM_024753.4(TTC21B):c.2758- 2A>G	79809	TTC21B	['TAATCGTGCCAGTTCCAACATAATCYGTAG AGCAAAGGGCTAGATTCATCA']
4225	NM_001145901.1(SARS2):c.1175 A>G (p.Asp392Gly)	54938	SARS2	['TTCGTCCTTGACCGCAGGGTCCTGGRTATG CCCACCCAAGAACTGGGCCTC']
4226	NM_000552.3(VWF):c.3437A>G (p.Tyr1146Cys)	7450	VWF	['AACGGGTATGAGTGTGAGTGGCGCTRTAA CAGCTGTGCACCTGCCTGTCAA']
4227	NM_014985.3(CEP152):c.2000A> G (p.Lys667Arg)	22995	CEP152	['ACCTTACCTATCCACAGCTTCTTGTYTGTC ATGGTCAAAATCTTGTACCAT']
4228	NM_024809.4(TCTN2):c.1506- 2A>G	79867	TCTN2	['GCTGAGAAATGTCTTACTCTCTTGCRGGGA GAATGCTGTTGAAAGACTTGA']
4229	NM_198994.2(TGM6):c.980A>G	34364	TGM6	['CGGACCCTGGAGGACCTGACAGAAGRCAG

【表７－５１】

	(p.Asp327Gly)	1		CATGTGGTGGGTCCTGCCCCCA']
4230	NM_052873.2(IFT43):c.1A>G (p.Met1Val)	112752	IFT43	['GAAGTGACGTCAGGCGGCCGCGGAGRTGG AGGATTTGCTCGACTTGGACGA']
4231	NM_201269.2(ZNF644):c.2014A>G (p.Ser672Gly)	84146	ZNF644	['AACATTTGGATCAACCTCACAATCARGTA GTTTTTCAAAAATTCATAAGCG']
4232	NM_201269.2(ZNF644):c.1759A>G (p.Ile587Val)	84146	ZNF644	['GTAGTAAAAGGACACATCTTACATAYGTA GGTAGCTGATTTTTTGGATGAT']
4233	NM_018699.3(PRDM5):c.320A>G (p.Tyr107Cys)	11107	PRDM5	['TTTCAGGAAGGAGAAAACATTTTCTRTTTG GCAGTTGAAGATATAGAAACA']
4234	NM_001198799.2(ASCC1):c.953A>G (p.Asn318Ser)	51008	ASCC1	['CTATAGTTCTCTGGGGGACTTACCAYTGGG GTCTTTCCTGAATAGTGTATT']
4235	NM_007055.3(POLR3A):c.2554A>G (p.Met852Val)	11128	POLR3A	['ACCAACTGAGTTTTTCTTCCACACARTGGC CGGCCGGGAAGGTCTAGTCGA']
4236	NM_001256047.1(C19orf12):c.391A>G (p.Lys131Glu)	83636	C19orf12	['TACTGGATCTCGGCCCGCAGCTCCTYGGTG ACGTAGTTCACCAGCATGGCC']
4237	NM_016464.4(TMEM138):c.287A>G (p.His96Arg)	51524	TMEM138	['TACTTTGCCCTCAGCATCTCCCTTCRTGTCT GGGTCATGGTAAGAGTGGCA']
4238	NM_016464.4(TMEM138):c.389A>G (p.Tyr130Cys)	51524	TMEM138	['TTCCTCCCCACAGCAGCAGTGTTGTRCTGC TACTTCTATAAACGGACAGCC']
4239	NM_177965.3(C8orf37):c.545A>G (p.Gln182Arg)	157657	C8orf37	['AAAGGAACACGGGCATATGCCTGCCRGTG TAGCTGGAGAACTATTGAAGAA']
4240	NM_001004334.3(GPR179):c.659A>G (p.Tyr220Cys)	440435	GPR179	['CCCAAGTGGCCGCAGGCAGATGGATRTGT GGGGGACACGCAGCAGGTGAGG']
4241	NM_004963.3(GUCY2C):c.1160A>G (p.Asp387Gly)	2984	GUCY2C	['AGCAGTGAGACATACTTTCTTGGTGYCCAC AGAGGTATACAGAAGCACCAT']
4242	NM_024110.4(CARD14):c.425A>G (p.Glu142Gly)	79092	CARD14	['AGCCTGCAGGAGGAGCTGAACCAGGRAAA GGGGCAGAAGGAGGTGCTGCTG']
4243	NM_018105.2(THAP1):c.70A>G (p.Lys24Glu)	55145	THAP1	['CAAGGACAAGCCCGTTTCTTTCCACRAGTG AGGACCCTGCGCGCCTCGCGG']
4244	NM_000933.3(PLCB4):c.1868A>G (p.Tyr623Cys)	5332	PLCB4	['AACAAACGGCAAATGAGTCGCATTTRCCC CAAGGGAGGCCGAGTCGATTCC']
4245	NM_001172646.1(PLCB4):c.986A>G (p.Asn329Ser)	5332	PLCB4	['CACTACTTCATCAGTTCTTCCCATAVCACT TATCTCACTGGCAGACAGTTC']
4246	NM_005850.4(SF3B4):c.1A>G (p.Met1Val)	10262	SF3B4	['GGGAGACGGCGGGATCTCTTTCGCCRTGG CTGCCGGGCCGATCTCCGAGCG']
4247	NM_014714.3(IFT140):c.932A>G (p.Tyr311Cys)	9742	IFT140	['TGGGACATAGAACGAGGAGAGAATTRTAT ACTGAGTCCAGATGAGAAGTTT']
4248	NM_000258.2(MYL3):c.517A>G (p.Met173Val)	4634	MYL3	['GACAGAAGACGAAGTGGAGAAGTTGRTGG CTGGGCAAGAGGACTCCAATGG']
4249	NM_032578.3(MYPN):c.59A>G (p.Tyr20Cys)	84665	MYPN	['ATATCTCAGCTTCTAAGAGAGAGCTRTTTA GCTGAAACCAGACATCGGGGA']
4250	NM_001018005.1(TPM1):c.742A>G (p.Lys248Glu)	7168	TPM1	['TGAGTTTGCGGAGAGGTCAGTAACTRAAT TGGAGAAAAGCATTGATGACTT']
4251	NM_005006.6(NDUFS1):c.1783A>	4719	NDUFS1	['AGCTGCTTACACAGAGAAGTCTGCTRCAT

【表７－５２】

	G (p.Thr595Ala)			ATGTCAACACTGAGGGTAGAGC']
4252	NM_033360.3(KRAS):c.439A>G (p.Lys147Glu)	3845	KRAS	['AATTCCTTTTATTGAAACATCAGCARAGAC AAGACAGGTAAGTAACACTGA']
4253	NM_014236.3(GNPAT):c.1556A> G (p.Asp519Gly)	8443	GNPAT	['GAAGATGAACTCATCTGCAAAAACAHCAC GTAGGAAGCGAAAGCAACTGTA']
4254	NM_017565.3(FAM20A):c.813- 2A>G	-1	-	['GGCACCCGTCGGAAGTCCAGAATCCYGCA AGAGAGGAAGCTCTGTTCCATC']
4255	NM_017565.3(FAM20A):c.590- 2A>G	54757	FAM20A	['AGGCTTTCTCATCTTGACTGTAATCYGCAA AGGAGGAGAAGGGCAATGAGA']
4256	NM_017636.3(TRPM4):c.2741A> G (p.Lys914Arg)	54795	TRPM4	['CTGCTTCACATCTTCACGGTCAACARACAG CTGGGGCCCAAGATCGTCATC']
4257	NM_000076.2(CDKN1C):c.832A> G (p.Lys278Glu)	1028	CDKN1C	['GCTGTCGCCCGCAGATTTCTTCGCCRAGCG CAAGAGATCAGCGCCTGAGAA']
4258	NM_022912.2(REEP1):c.304- 2A>G	65055	REEP1	['AGTGTGCCTCTGTTTTTCCTTTGACRGGAA ATCGATGATTGTCTGGTCCAA']
4259	NM_000053.3(ATP7B):c.2305A>G (p.Met769Val)	540	ATP7B	['TGTGACATTCTTCGACACGCCCCCCRTGCT CTTTGTGTTCATTGCCCTGGG']
4260	NM_000053.3(ATP7B):c.3620A>G (p.His1207Arg)	540	ATP7B	['GTCCACACCCATGCTCTGCAGCGTGYGCA CAGCCAGGGCAGCCTCCTGCTT']
4261	NM_000492.3(CFTR):c.3140- 26A>G	1080	CFTR	['ACATTTTGTGTTTATGTTATTTGCARTGTTT TCTATGGAAATATTTCACAG']
4262	NM_000570.4(FCGR3B):c.194A> G (p.Asn65Ser)	2215	FCGR3B	['GCTCGAGGCCTGGCTTGAGATGAGGYTCT CATTGTGAAACCACTGTGTGGA']
4263	NM_198253.2(TERT):c.2705A>G (p.Lys902Arg)	7015	TERT	['TATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGARGAC AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAA']
4264	NM_005022.3(PFN1):c.350A>G (p.Glu117Gly)	5216	PFN1	['GTTGATCAAACCACCGTGGACACCTYCTTT GCCCATCAGCAGGACTAGCGC']
4265	NM_005349.3(RBPJ):c.188A>G (p.Glu63Gly)	3516	RBPJ	['GTTGCACAGAAGTCATATGGAAATGRAAA AAGGTAAGATTATTTTTCTGGT']
4266	NM_005349.3(RBPJ):c.505A>G (p.Lys169Glu)	3516	RBPJ	['GATAAAAGTCATCTCCAAACCTTCCRAAA AGAAGCAGTCATTGAAAAATGC']
4267	NM_022787.3(NMNAT1):c.817A> G (p.Asn273Asp)	64802	NMNAT1	['GGTCATCCTGGCCCCTTTGCAGAGARACAC TGCAGAAGCTAAGACATAGGA']
4268	NM_020921.3(NIN):c.3665A>G (p.Gln1222Arg)	51199	NIN	['CACAGAAACATCAAAAAGTAGGTCCYGTT TCTTTTCAGAAGCTCGATCACA']
4269	NM_020921.3(NIN):c.5126A>G (p.Asn1709Ser)	51199	NIN	['AAAATCTCTAGTGTTCTAAGCTACARCGAA AAACTGCTGAAAGAAAAGGAA']
4270	NM_005340.6(HINT1):c.152A>G (p.His51Arg)	3094	HINT1	['GACATTTCCCCTCAAGCACCAACACRTTTT CTGGTGATACCCAAGAAACAT']
4271	NM_005050.3(ABCD4):c.956A>G (p.Tyr319Cys)	5826	ABCD4	['GAGCTGGGTGAAGCAGCTGATGAGGYAGA TGCACACAAAGGCATTCTGGAC']
4272	NM_000155.3(GALT):c.950A>G (p.Gln317Arg)	2592	GALT	['GCTGGGGCCAACTGGAACCATTGGCRGCT GCACGCTCATTACTACCCTCCG']
4273	NM_007294.3(BRCA1):c.213-	672	BRCA1	['ACTTGCTGAGTGTGTTTCTCAAACARTTTA

【表７－５３】

	12A>G			ATTTCAGGAGCCTACAAGAAA']
4274	NM_007294.3(BRCA1):c.4096+3A>G	672	BRCA1	['GCAAAGCATGGATTCAAACTTAGGTRTTGGAACCAGGTTTTTGTGTTTGCC']
4275	NM_007294.3(BRCA1):c.5194-2A>G	672	BRCA1	['TGATGGGTTGTGTTTGGTTTCTTTCVGCATGATTTTGAAGTCAGAGGAGAT']
4276	NM_007294.3(BRCA1):c.5453A>G (p.Asp1818Gly)	672	BRCA1	['GTGCAGCCAGATGCCTGGACAGAGGRCAATGGCTTCCATGGTAAGGTGCCT']
4277	NM_000059.3(BRCA2):c.1799A>G (p.Tyr600Cys)	675	BRCA2	['TATGCTATACATGATGAAACATCTTRTAAAGGAAAAAAAAATACCGAAAGAC']
4278	NM_000059.3(BRCA2):c.476-2A>G	675	BRCA2	['ACAATTTTCCCCTTTTTTTACCCCCRGTGGTATGTGGGAGTTTGTTTCATA']
4279	NM_000059.3(BRCA2):c.8168A>G (p.Asp2723Gly)	675	BRCA2	['AAAGTGGCCATTATTGAACTTACAGNTGGGTGGTATGCTGTTAAGGCCCAG']
4280	NM_000059.3(BRCA2):c.8633-2A>G	675	BRCA2	['GAATTAATAATCCTTTTGTTTTCTTDGAAAACACAACAAAACCATATTTAC']
4281	NM_000060.3(BTD):c.629A>G (p.Tyr210Cys)	686	BTD	['AATAATGGAACCCTTGTTGACCGCTRCCGTAAACACAACCTCTACTTTGAG']
4282	NM_000060.3(BTD):c.968A>G (p.His323Arg)	686	BTD	['ACCCCTCTGGAGTCCTTTTGGTACCRTGACATGGAAAATCCCAAAAGTCAC']
4283	NM_000155.3(GALT):c.857A>G (p.Tyr286Cys)	2592	GALT	['ATCATGAAGAAGCTCTTGACCAAGTRTGACAACCTCTTTGAGACGTCCTTT']
4284	NM_000060.3(BTD):c.128A>G (p.His43Arg)	686	BTD	['TGTTACGTGGTTGCCCTGGGAGCCCRCACCGGGGAGGAGAGCGTGGCTGAC']
4285	NM_002437.4(MPV17):c.262A>G (p.Lys88Glu)	4358	MPV17	['CACCACCAAAGTGGATGCACTGAAGRAGATGTTGTTGGATCAGGTGAGCAG']
4286	NM_002769.4(PRSS1):c.65A>G (p.Asp22Gly)	-1	-	['GTTGCTGCCCCCTTTGATGATGATGRCAAGATCGTTGGGGGCTACAACTGT']
4287	NM_005211.3(CSF1R):c.2320-2A>G	1436	CSF1R	['GACTAACCCTGCAGTGCTTTCCCTCRGTGCATCCACCGGGACGTGGCAGCG']
4288	NM_024312.4(GNPTAB):c.118-2A>G	79158	GNPTAB	['GAAAACGTTTCTTTTTCTTTGTTCTRGGTGGTTCTGGAATGGAGCCGAGAT']
4289	NM_000495.4(COL4A5):c.3107-4A>G	1287	COL4A5	['AAATATTATATATCACATATTTTCARCAGGGCCTCAGGGTGTGGAAGGGCC']
4290	NM_000282.3(PCCA):c.862A>G (p.Arg288Gly)	5095	PCCA	['TGGGAATGCTTTATGGCTTAATGAANGAGAGTGCTCAATTCAGAGAAGAAA']
4291	NM_000288.3(PEX7):c.854A>G (p.His285Arg)	5191	PEX7	['TCTCTTCTTGAAACAGTGGAGCATCRTACAGAGTTTACTTGTGGTTTAGAC']
4292	NM_000532.4(PCCB):c.1606A>G (p.Asn536Asp)	5096	PCCB	['ACAACGTCCTTGGAGAAAACATGCARATATTCCATTGTAAACAAATCAAAG']
4293	NM_000553.4(WRN):c.2089-3024A>G	7486	WRN	['TCAAAGGAAAAATACATTTAAGATTVTAAGTCTGGTTATAAGCTTAAAAAG']
4294	NM_001039958.1(MESP2):c.271A>G (p.Lys91Glu)	145873	MESP2	['GCGGCAGAGCGCCAGCGAGCGGGAGRAACTGCGCATGCGCACGCTGGCCCG']
4295	NM_001099274.1(TINF2):c.850A>	26277	TINF2	['TAGGGGAGGCCATAAGGAGCGCCCCRCAG

【表７－５４】

	G (p.Thr284Ala)			TCATGCTGTTTCCCTTTAGGAA']
4296	NM_001099274.1(TINF2):c.871A>G (p.Arg291Gly)	26277	TINF2	['CCCCACAGTCATGCTGTTTCCCTTTRGGAATCTCGGCTCACCAACCCAGGT']
4297	NM_001363.4(DKC1):c.115A>G (p.Lys39Glu)	1736	DKC1	['ACAACACGCTGAAGAATTTCTTATCRAACCTGAATCCAAAGTTGCTAAGTT']
4298	NM_001363.4(DKC1):c.127A>G (p.Lys43Glu)	1736	DKC1	['AGAATTTCTTATCAAACCTGAATCCRAAGTTGCTAAGTTGGACACGTCTCA']
4299	NM_001363.4(DKC1):c.196A>G (p.Thr66Ala)	1736	DKC1	['GAATTTTGATAAGCTGAATGTAAGGRCAACACACTATACACCTCTTGCATG']
4300	NM_001363.4(DKC1):c.941A>G (p.Lys314Arg)	1736	DKC1	['GTAAATGCCATCTGCTATGGGGCCARGATTATGCTTCCAGGTGTTCTTCGA']
4301	NM_004614.4(TK2):c.173A>G (p.Asn58Ser)	7084	TK2	['GCATGTCGTCTTCCCACTTGCAATAYTGCCCTCGACACAGATCTGGCAAAA']
4302	NM_004614.4(TK2):c.278A>G (p.Asn93Ser)	7084	TK2	['AACCAACAACCCACTCACCAGAGGAYTGTGGCCACGGACATTTCTCCACTT']
4303	NM_004614.4(TK2):c.562A>G (p.Thr188Ala)	7084	TK2	['AGTTTACCTTCGGACCAATCCTGAGRCTTGTTACCAGAGGTTAAAGAAGAG']
4304	NM_024312.4(GNPTAB):c.1285-2A>G	79158	GNPTAB	['TTTATTTTCTCTTTGGTTTTATCGTRGGTTTATTTGACATGGCCTGTGCCA']
4305	NM_024312.4(GNPTAB):c.2867A>G (p.His956Arg)	79158	GNPTAB	['TTCACATCGCGGAAAGTCCCTGCTCRCATGCCTCACATGATTGACCGGATT']
4306	NM_024312.4(GNPTAB):c.3458A>G (p.Asn1153Ser)	79158	GNPTAB	['AGGAAGTTTGTTTGCCTGAATGACARCATTGACCACAATCATAAAGATGCT']
4307	NM_024312.4(GNPTAB):c.2783A>G (p.Lys928Arg)	79158	GNPTAB	['AGCAAAAATACTGGGAGGCAACTAARAGATACATTTGCAGATTCCCTCAGA']
4308	NM_198253.2(TERT):c.2537A>G (p.Tyr846Cys)	7015	TERT	['TCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTRCGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTT']
4309	NM_198578.3(LRRK2):c.3342A>G (p.Leu1114=)	120892	LRRK2	['TAGAGAAACTGGAGCAGCTCATTTTRGAAGGGTAAGAAAGAGCTCATTAAA']
4310	NM_198578.3(LRRK2):c.5605A>G (p.Met1869Val)	120892	LRRK2	['TTTGGCTGACCTGCCTAGAAATATTRTGTTGAATAATGATGAGTTGGAATT']
4311	NM_207352.3(CYP4V2):c.367A>G (p.Met123Val)	285440	CYP4V2	['TTCAAAGCAAATTGACAAATCCTCTRTGTACAAGTTTTTAGAACCATGGCT']
4312	NM_207352.3(CYP4V2):c.761A>G (p.His254Arg)	285440	CYP4V2	['CTTATGTTTAAAGAAGGATGGGAACRCAAAAAGAGCCTTCAGATCCTACAT']
4313	NR_001566.1(TERC):n.37A>G	7012	TERC	['GGTGGGCCTGGGAGGGGTGGTGGCCDTTTTTTGTCTAACCCTAACTGAGAA']
4314	NR_001566.1(TERC):n.48A>G	7012	TERC	['GAGGGGTGGTGGCCATTTTTTGTCTRACCCTAACTGAGAAGGGCGTAGGCG']
4315	NM_007171.3(POMT1):c.430A>G (p.Asn144Asp)	10585	POMT1	['CATGTGTTTCCTCTTTGAAACAGAGRATGCTCTCATCACTCAGTCAAGGCT']
4316	NM_003863.3(DPM2):c.68A>G (p.Tyr23Cys)	8818	DPM2	['GCCGTTAGCCTGATCATCTTCACCTRCTACACCGCCTGGGTGATTCTCTTG']
4317	NM_000030.2(AGXT):c.1020A>G	189	AGXT	['GGAGAGACATCGTCAGCTACGTCATRGAC

【表７－５５】

	(p.Ile340Met)			CACTTCGACATTGAGATCATGG']
4318	NM_031418.2(ANO3):c.2053A>G (p.Ser685Gly)	63982	ANO3	['TTATGTTCTATTTCAGTGTCATCCTRGTGG CTGTTTGATAGACCTCTGCCT']
4319	NM_183075.2(CYP2U1):c.1139A> G (p.Glu380Gly)	113612	CYP2U1	['CCTTTTTACATAGAAAAGGTTCATGRAGAA ATTGAAAGAGTCATTGGCGCC']
4320	NM_003094.3(SNRPE):c.1A>G (p.Met1Val)	6635	SNRPE	['GGTGTGCTCTTTGTGAAATTCCACCRTGGC GTACCGTGGCCAGGGTCAGAA']
4321	NM_000344.3(SMN1):c.389A>G (p.Tyr130Cys)	6606	SMN1	['ACCTGTGTTGTGGTTTACACTGGATRTGGA AATAGAGAGGAGCAAAATCTG']
4322	NM_012082.3(ZFPM2):c.2209A>G (p.Lys737Glu)	-1	-	['CATGCAGAGAACCATGCGCACACGCRAGC GCAGAAAGATGTATGAGATGTG']
4323	NM_006364.2(SEC23A):c.2104A> G (p.Met702Val)	10484	SEC23A	['TGTTCAGTGTCAATGTATCTTGGCAYTGGA AATCTGGAGTGAAGAATTTCC']
4324	NM_001139.2(ALOX12B):c.1562A >G (p.Tyr521Cys)	242	ALOX12B	['ACCCTCCACGGCTGCGTCACTCGGGYAAT AATAGGTGATGATCTCCGTCAC']
4325	NM_001004434.2(SLC30A2):c.161 A>G (p.His54Arg)	7780	SLC30A2	['GTGACTGTCAGGACCCTTCTGAGCAYGGC AGTGATGGTTGCTCTGGGCAGC']
4326	NM_001168272.1(ITPR1):c.1759A >G (p.Asn587Asp)	3708	ITPR1	['CACTATCACTGCCCTGCTCCACAATRATCG GAAACTCCTGGAAAAACACAT']
4327	m.15923A>G	-1	-	['ATAAACTAATACACCAGTCTTGTAARCCG GAGATGAAAACCTTTTTCCAAG']
4328	NM_007332.2(TRPA1):c.2564A>G (p.Asn855Ser)	-1	-	['TTTTTTTACTTTTCTAGATTTGAAARTTGTG GAATTTTTATTGTTATGTTG']
4329	NM_014254.2(TMEM5):c.1016A> G (p.Tyr339Cys)	10329	TMEM5	['CCGGTCGGAGTAAACACAGAATGCTRTCG AATCTATGAGGCTTGCTCCTAT']
4330	NM_144577.3(CCDC114):c.487- 2A>G	93233	CCDC114	['ACTGATTTTTTTCTCCTCCCCCCACRGGAG ATCCACCACCTGCATCACCTG']
4331	NM_000834.3(GRIN2B):c.2172- 2A>G	2904	GRIN2B	['GGATTTGTTTGCTTTTTTCCTGTACRGGAA ACTGGATGCCTTCATCTATGA']
4332	NM_018486.2(HDAC8):c.539A>G (p.His180Arg)	55869	HDAC8	['ATTCTCTACGTGGATTTGGATCTGCRCCAT GGAGATGGTAAGCCCTTTGGT']
4333	NM_018486.2(HDAC8):c.1001A> G (p.His334Arg)	55869	HDAC8	['ACACTATCCTCTGAGATCCCAGATCRTGAG GTAAGTAAGGCTCTGACAAGT']
4334	NM_178012.4(TUBB2B):c.767A> G (p.Asn256Ser)	347733	TUBB2B	['GCAGACCTGCGCAAGCTGGCGGTGARCAT GGTGCCCTTCCCTCGCCTGCAC']
4335	NM_006888.4(CALM1):c.293A>G (p.Asn98Ser)	801	CALM1	['ATTGCTGAATGTTCACAGGATGGCARTGGT TATATCAGTGCAGCAGAACTA']
4336	NM_172107.2(KCNQ2):c.1636A> G (p.Met546Val)	3785	KCNQ2	['GCCCCACCCACCCCCCTGCAGTGTCRTGCG GTTCCTGGTGTCCAAGCGGAA']
4337	NM_001866.2(COX7B):c.41-2A>G	1349	COX7B	['TGTATTCTTTTTTCGTTTTCCTGTARGTTCG AAGCATTCAGCAAACAATGG']
4338	NM_001099922.2(ALG13):c.339A >G (p.Ala113=)	79868	ALG13	['TGAACAATCATCAGCTGGAACTGGCRAAG CAGCTACACAAAGAGGGTCATC']
4339	NM_001083614.1(EARS2):c.502A	12445	EARS2	['CCCCATCAGGTATGACAATCGGTGCRGGA

【表７－５６】

	>G (p.Arg168Gly)	4		ACATGAGCCAGGAGCAGGTGGC']
4340	NM_001083614.1(EARS2):c.193A>G (p.Lys65Glu)	124454	EARS2	['TGCCTTGTACAACTACATCTTTGCTRAGAAGTACCAGGGGAGCTTCATCCT']
4341	NM_033109.4(PNPT1):c.1160A>G (p.Gln387Arg)	87178	PNPT1	['ACCCTTCATGGATCAGCATTATTTCRAAGAGGACAAACACAGGTAATTTAT']
4342	NM_033109.4(PNPT1):c.1424A>G (p.Glu475Gly)	87178	PNPT1	['CCTTTCACCATAAGAGTTACATCTGRAGTCCTAGAGTCAAATGGTATGGTA']
4343	NM_000390.2(CHM):c.1520A>G (p.His507Arg)	1121	CHM	['ATTTTTTTTTTAACAGATTTGGTTCRTTTGACTTGCACATCTTCTAAAACA']
4344	NM_181690.2(AKT3):c.686A>G (p.Asn229Ser)	10000	AKT3	['TTGTGTTTTGTGATGGAATATGTTARTGGGGGCGAGGTGAGTCAAGAAGTA']
4345	NM_006567.3(FARS2):c.431A>G (p.Tyr144Cys)	10667	FARS2	['CCCAGCAGGAAGAAGGGGGACAACTRTTACCTGAATCGGACTCACATGCTG']
4346	NM_001410.2(MEGF8):c.7099A>G (p.Ser2367Gly)	1954	MEGF8	['CAAGTGCCGGGAATCATTTCACGGGRGTCCGCTGGGCGGCCAGCAGTGCTA']
4347	NM_003124.4(SPR):c.596-2A>G	6697	SPR	['CCTCATCGTCTCCTTTTCATCCTCTRGGTCCTCTGGACACAGACATGCAGC']
4348	NM_005609.2(PYGM):c.152A>G (p.Asp51Gly)	5837	PYGM	['GACCGCAATGTGGCCACCCCACGAGRCTACTACTTTGCTCTGGCCCATACC']
4349	NM_004247.3(EFTUD2):c.623A>G (p.His208Arg)	9343	EFTUD2	['TTACTTAGTATTTGCTTTTCAGGACRTGTGAATTTCTCTGATGAGGTCACA']
4350	NM_001310338.1(MGME1):c.743A>G (p.Tyr248Cys)	92667	MGME1	['GCTGTTCAACATGAAACCTTAAACTRTATAGGTCTGCTGGACTGTGTGGCT']
4351	NM_001128085.1(ASPA):c.433-2A>G	-1	-	['AAGAAAGACGTTTTTGATTTTTTTCRGACTTCTCTGGCTCCACTACCCTGC']
4352	NM_000108.4(DLD):c.1444A>G (p.Arg482Gly)	1738	DLD	['TGGAGCATCCTGTGAAGATATAGCTRGAGTCTGTCATGCACATCCGGTAAT']
4353	NM_007215.3(POLG2):c.1105A>G (p.Arg369Gly)	11232	POLG2	['ACTAACATTAAGAACAAACAAACCCNTATTTTTAGTTTCCCAAGTCTATCT']
4354	NM_004333.4(BRAF):c.2126A>G (p.Gln709Arg)	673	BRAF	['AGAGATGAGAGACCACTCTTTCCCCRAGTAAGTAAAAGCTTCATGCTATCC']
4355	NM_004985.4(KRAS):c.65A>G (p.Gln22Arg)	3845	KRAS	['GTAGGCAAGAGTGCCTTGACGATACDGCTAATTCAGAATCATTTTGTGGAC']
4356	NM_004985.4(KRAS):c.458A>G (p.Asp153Gly)	3845	KRAS	['ACTTTTTATGTATTTCAGGGTGTTGDTGATGCCTTCTATACATTAGTTCGA']
4357	NM_002834.3(PTPN11):c.124A>G (p.Thr42Ala)	5781	PTPN11	['TAGTAAAAGTAACCCTGGAGACTTCRCACTTTCCGTTAGGTAAGTTGGAAT']
4358	NM_002834.3(PTPN11):c.172A>G (p.Asn58Asp)	5781	PTPN11	['AGCTGTCACCCACATCAAGATTCAGNACACTGGTGATTACTATGACCTGTA']
4359	NM_002834.3(PTPN11):c.767A>G (p.Gln256Arg)	5781	PTPN11	['TTTCTTTCTTTCCAGACACTACAACRACAGGAGTGCAAACTTCTCTACAGC']
4360	NM_002834.3(PTPN11):c.844A>G (p.Ile282Val)	5781	PTPN11	['CAAAAACAAAAATAGATATAAAAACRTCCTGCCCTGTAAGTATCAATATTC']
4361	NM_002834.3(PTPN11):c.1510A>	5781	PTPN11	['GATGGTGCGGTCTCAGAGGTCAGGGRTGG

【表７－５７】

	G (p.Met504Val)			TCCAGACAGAAGCACAGTACCG']
4362	NM_002880.3(RAF1):c.524A>G (p.His175Arg)	5894	RAF1	['ACTTGTGGCTACAAATTTCATGAGCRCTGT AGCACCAAAGTACCTACTATG']
4363	NM_002880.3(RAF1):c.1279A>G (p.Ser427Gly)	5894	RAF1	['AATTGTGACCCAGTGGTGCGAGGGCRGCA GCCTCTACAAACACCTGCATGT']
4364	NM_005633.3(SOS1):c.508A>G (p.Lys170Glu)	6654	SOS1	['TATTAAAGTGGCAATGTGTGCTGACRAGG TAGGAAACTGAGCTTTTCTATT']
4365	NM_030662.3(MAP2K2):c.181A> G (p.Lys61Glu)	5605	MAP2K2	['GCGGCTGGAAGCCTTTCTCACCCAGRAAG CCAAGGTCGGCGAACTCAAAGA']
4366	NM_024334.2(TMEM43):c.271A> G (p.Ile91Val)	79188	TMEM43	['GGAGAATGAAGGAAGGCTGGTGCACRTCA TTGGCGCCTTACGGACATCCAA']
4367	NM_000084.4(CLCN5):c.1637A>G (p.Lys546Arg)	1184	CLCN5	['CTGATGGCTGCAGCCATGACAAGCARGTG GGTGGCAGATGCTCTTGGGCGG']
4368	NM_000084.4(CLCN5):c.815A>G (p.Tyr272Cys)	1184	CLCN5	['CCTTCTTTCTTCTAGGTCAGCTACTRTTTTC CCCTCAAAACATTGTGGCGT']
4369	NM_000095.2(COMP):c.1760A>G (p.His587Arg)	1311	COMP	['GGCGTGGACTTCGAGGGCACGTTCCRTGT GAACACGGTCACGGATGACGAC']
4370	NM_000530.6(MPZ):c.389A>G (p.Lys130Arg)	4359	MPZ	['AATGGCACGTTCACTTGTGACGTCARAAA CCCTCCAGACATAGTGGGCAAG']
4371	NM_000530.6(MPZ):c.347A>G (p.Asn116Ser)	4359	MPZ	['AAGGATGGCTCCATTGTCATACACARCCTA GACTACAGTGACAATGGCACG']
4372	NM_003611.2(OFD1):c.260A>G (p.Tyr87Cys)	8481	OFD1	['GCAGATCACTTACAAAGATGTGGCTDTGA ATATTCACTTTCTGTTTTCTTT']
4373	NM_003611.2(OFD1):c.290A>G (p.Glu97Gly)	8481	OFD1	['TATTCACTTTCTGTTTTCTTTCCAGRAAGTG GTTTGGCAAAAGAAAAGGTA']
4374	NM_003611.2(OFD1):c.382-2A>G	8481	OFD1	['TAAAAGTGAAATATTTTCTTTTAACRGGTT TCAGGATCTGATAAAGAAAAT']
4375	NM_003977.3(AIP):c.721A>G (p.Lys241Glu)	9049	AIP	['GCTGCTGCTCAACTACTGCCAGTGCDAGCT GGTGGTCGAGGAGTACTACGA']
4376	NM_006158.4(NEFL):c.293A>G (p.Asn98Ser)	4747	NEFL	['GAGAAGGCGCAGCTCCAGGACCTCARTGA CCGCTTCGCCAGCTTCATCGAG']
4377	NM_024312.4(GNPTAB):c.3053A >G (p.Asp1018Gly)	79158	GNPTAB	['ATATCTCAAGTCTTTGATGAAGTTGRTACA GATCAATCTGGTGTCTTGTCT']
4378	NM_025137.3(SPG11):c.1457-2A>G	80208	SPG11	['TAAAGCTAACTTTTATTTTTCCTATRGAGA ATGGACTCTCTCTGATTTTGT']
4379	NM_025137.3(SPG11):c.2608A>G (p.Ile870Val)	80208	SPG11	['ACAAGAATCCATCCTTCTCCCCAGGRTAAG TCCAGAAGGCAAGTGTGAGAG']
4380	NM_025137.3(SPG11):c.2833A>G (p.Arg945Gly)	80208	SPG11	['GAATGAAATTTTAGATAAGCTGGCCRGGT ATTATAACTGTTGAACTAATAC']
4381	NM_025137.3(SPG11):c.6477+4A> G	80208	SPG11	['CAGTGAGGAGTATGGGCTGGTGGTARGTA GCCCCCTCAACCCCAGTCTCCA']
4382	NM_212472.2(PRKAR1A):c.178-2A>G	5573	PRKAR1A	['ATTTTGCAAACTCGTAATTTCTTTCRGGAG GAGGCAAAACAGATTCAGAAT']
4383	NM_006231.3(POLE):c.4444+3A>	5426	POLE	['CCAGTTCAGCTACCTGGAACCAGGTRTGG

【表７－５８】

	G			CCTGCACCAGCCGCCCATCATG']
4384	NM_003156.3(STIM1):c.251A>G (p.Asp84Gly)	6786	STIM1	['GACGATGATGCCAATGGTGATGTGGRTGT GGAAGAAAGTGATGAGGTGAGC']
4385	NM_003156.3(STIM1):c.326A>G (p.His109Arg)	6786	STIM1	['CCAACAGTGAAACACAGCACCTTCCRTGG TGAGGATAAGCTCATCAGCGTG']
4386	NM_001128425.1(MUTYH):c.934-2A>G	4595	MUTYH	['GGCTAAGAGCTGTTCCTGCTCCACCYGAG AGGCACAGGGTTGAGTGTCATA']
4387	NM_133499.2(SYN1):c.1699A>G (p.Thr567Ala)	6853	SYN1	['GGCGGAGCCGGGCCAGAGACGGATGYCTG ACGGGTAGCCTGTGGGGGGCCC']
4388	NM_021629.3(GNB4):c.265A>G (p.Lys89Glu)	59345	GNB4	['TATTTGGGATAGCTATACAACAAATRAGG TAGAATTTCTTCATAATTCTTT']
4389	NM_138425.3(C12orf57):c.1A>G (p.Met1Val)	113246	C12orf57	['CTGAACCTAGAGCTTCAGACGCCCTRTGGC GTCCGCCTCGACCCAACCGGC']
4390	NM_000096.3(CP):c.2953A>G (p.Met985Val)	1356	CP	['GGGAGATGAAGTCAACTGGTATCTGRTGG GAATGGGCAATGAAATAGACTT']
4391	NM_000057.3(BLM):c.1088-2A>G	641	BLM	['AATATTAACAACATAATTATTTTATRGCTA GACAGATAAGTTTACAGCAGC']
4392	NM_000257.3(MYH7):c.5807A>G (p.Ter1936Trp)	4625	MYH7	['TTTCAAAAGGGCTTGAATGAGGAGTRGCT TTGCCACATCTTGATCTGCTCA']
4393	NM_152263.3(TPM3):c.505A>G (p.Lys169Glu)	7170	TPM3	['GGATCTTTTCCTGTAGGTGGCTCGTRAGTT GGTGATCATTGAAGGAGACTT']
4394	NM_152263.3(TPM3):c.733A>G (p.Arg245Gly)	7170	TPM3	['AGAGACCCGTGCTGAGTTTGCTGAGRGAT CGGTAGCCAAGCTGGAAAAGAC']
4395	NM_000096.3(CP):c.1209-2A>G	1356	CP	['GCATTAAACACTTTTTTCCCCCTGCRGTGA CTCAGCGGTGTTTTTTGAACA']
4396	NM_002739.3(PRKCG):c.76A>G (p.Arg26Gly)	5582	PRKCG	['CCTGTTTTGCAGAAAGGGGGCCCTGRGGC AGAAGGTGGTCCACGAAGTCAA']
4397	NM_000138.4(FBN1):c.1148-2A>G	2200	FBN1	['GTGTTTTGTTTTGTTGTGTTTTTCTRGAGGA TTTCAACAAGCTGTGCTCTG']
4398	NM_000138.4(FBN1):c.3058A>G (p.Thr1020Ala)	2200	FBN1	['ACCCGGATTTGCCACAAAAGAAATTRCAA ATGGAAAGCCTTTCTTCAAAGG']
4399	NM_000169.2(GLA):c.1153A>G (p.Thr385Ala)	-1	-	['GGCCTGTAATCCTGCCTGCTTCATCRCACA GCTCCTCCCTGTGAAAAGGAA']
4400	NM_000256.3(MYBPC3):c.1224-2A>G	4607	MYBPC3	['ACTTCAACGGCCCCTTCTGTTCTACRGCAA GTAAGTTCCCCTCTGGATGGC']
4401	NM_000256.3(MYBPC3):c.1814A>G (p.Asp605Gly)	4607	MYBPC3	['GTCAGCCTCGTCGGCAGGTGTGACGYCGT CAATGGTCAGTTTGTGGACCCT']
4402	NM_000256.3(MYBPC3):c.1928-2A>G	4607	MYBPC3	['CTCTGAACTACATTGTGTCTTCTGCRGAAC CTCCCAAGATCCACCTGGACT']
4403	NM_000256.3(MYBPC3):c.2309-2A>G	4607	MYBPC3	['GGGCCGCAGGTGCGTCTGGCACGTCBGGA TGGGGTGGGATGGACCCACATC']
4404	NM_000256.3(MYBPC3):c.26-2A>G	4607	MYBPC3	['GTGGCTTCTTGCTAAAAGCTGAGACYGAA GGGCCAGGTGGAGGCTACAGCG']
4405	NM_000256.3(MYBPC3):c.927-	4607	MYBPC3	['GGCCACAGCCTAGACTGCGGGACACRGGG

【表７－５９】

	2A>G			ACTCGAAGCTGGAGGCACCAGC']
4406	NM_000257.3(MYH7):c.2206A>G (p.Ile736Val)	4625	MYH7	['AGCGGCCATCCCTGAGGGACAGTTCRTTG ATAGCAGGAAGGGGGCAGAGAA']
4407	NM_000257.3(MYH7):c.2681A>G (p.Glu894Gly)	4625	MYH7	['CTCCCCTCTGTTCCTCACCTTCAGGDACAA GACAACCTGGCAGATGCTGAG']
4408	NM_000260.3(MYO7A):c.1344-2A>G	4647	MYO7A	['CCTTACCCCATCCCTGTGCCCCTGCRGCTT TGAGCAGCTCTGCATCAACTT']
4409	NM_000260.3(MYO7A):c.6029A>G (p.Asp2010Gly)	4647	MYO7A	['GTGCCAGGGAAGGATCCCATGGCCGRTTC CATCTTCCACTATTACCAGGTG']
4410	NM_000260.3(MYO7A):c.6439-2A>G	4647	MYO7A	['CTCTCTATGCCCTTTCTGCTCCCCCRGGAT ATCCTCACCACTCATCCCTTC']
4411	NM_000441.1(SLC26A4):c.-3-2A>G	-1	-	['CCCTCCTCGCTGTCCTCTGGCTCGCRGGTC ATGGCAGCGCCAGGCGGCAGG']
4412	NM_000441.1(SLC26A4):c.1149+3A>G	5172	SLC26A4	['ATTACACCATCGATGGGAACCAGGTDTGG GTGCCCTTTTGCTGAACTGGTT']
4413	NM_000551.3(VHL):c.467A>G (p.Tyr156Cys)	7428	VHL	['GATTTGGTTTTTGCCCTTCCAGTGTRTACTC TGAAAGAGCGATGCCTCCAG']
4414	NM_002294.2(LAMP2):c.65-2A>G	3920	LAMP2	['AAATATTATTTTTTTAAATGAATCCRGGAG CTGTGCGGTCTTATGCATTGG']
4415	NM_004004.5(GJB2):c.1A>G (p.Met1Val)	2706	GJB2	['CAGAGCAAACCGCCCAGAGTAGAAGRTGG ATTGGGGCACGCTGCAGACGAT']
4416	NM_004004.5(GJB2):c.617A>G (p.Asn206Ser)	2706	GJB2	['GTGTCTGGAATTTGCATCCTGCTGARTGTC ACTGAATTGTGTTATTTGCTA']
4417	NM_033360.3(KRAS):c.182A>G (p.Gln61Arg)	3845	KRAS	['TTGGATATTCTCGACACAGCAGGTCNAGA GGAGTACAGTGCAATGAGGGAC']
4418	NM_006218.2(PIK3CA):c.1637A>G (p.Gln546Arg)	5290	PIK3CA	['GATCCTCTCTCTGAAATCACTGAGCRGGAG AAAGATTTTCTATGGAGTCAC']
4419	NM_006218.2(PIK3CA):c.3073A>G (p.Thr1025Ala)	5290	PIK3CA	['TGATGACATTGCATACATTCGAAAGRCCCT AGCCTTAGATAAAACTGAGCA']
4420	NM_032119.3(ADGRV1):c.14973-2A>G	84059	ADGRV1	['TTCTTCATGATTTAATTTTTTTCCCRGATCA GGTTTCATTGTTGCTGAAAT']
4421	NM_033056.3(PCDH15):c.1998-2A>G	65217	PCDH15	['TTATTTGTTTGTTTGTTTTGTCACTRGCACG GGGATTCTAACCTTAGGGAA']
4422	NM_138691.2(TMC1):c.1763+3A>G	117531	TMC1	['ATCTTCAACCAAGGCATGATCTGGTRGGCC AGCTGTTGGACAGCTTATCAC']
4423	NM_206933.2(USH2A):c.12067-2A>G	7399	USH2A	['CAACTTAACCTGTTAATTTTCTTACRGGGA ACAAGCCATCAAGCCCACCTG']
4424	NM_206933.2(USH2A):c.12295-2A>G	7399	USH2A	['CCCGTCACTGAAGATGTTGTATGTCYACAG AAGGACAGAAGCAAAAGGGAT']
4425	NM_206933.2(USH2A):c.1841-2A>G	7399	USH2A	['ATAATGCATAACCTTTCCCTGATGCRGGAA GGAACTGTGAGCTGTGCAAGG']
4426	NM_206933.2(USH2A):c.8559-2A>G	7399	USH2A	['GATGTTCCTGCTTGTCTTTTGCTTTRGATAT GAGCTTCTGAGACGTAAAAT']
4427	NM_032415.5(CARD11):c.401A>	84433	CARD11	['GGCCTCACGCACTTCCTGATGAACGRGGTC

【表７－６０】

	G (p.Glu134Gly)			ATCAAGCTGCAGCAGCAGATG']
4428	NM_000548.3(TSC2):c.226-2A>G	7249	TSC2	['CACCGCTGTCCCCTCTGCTGGTGACRGCAC GCAGTGGAAGCACTCTGGAAG']
4429	NM_000548.3(TSC2):c.1444-2A>G	7249	TSC2	['TCATTGGCCTCCCTTGTGCCTGTGCRGGAG GAGCTGATTAACTCAGTGGTC']
4430	NM_000548.3(TSC2):c.2546-2A>G	7249	TSC2	['CCCTGACCACCCTCTCCATTACCGCDGCTC TGGCCAGGCTGCCGCACCTCT']
4431	NM_130466.3(UBE3B):c.545-2A>G	89910	UBE3B	['TTTGTTCTCACTGTTTTCTTTCTTTRGGTGA AAGTCTTCGACCAGCGATGA']
4432	NM_005430.3(WNT1):c.624+4A>G	7471	WNT1	['CAACAACGAGGCAGGCCGTACGGTGRGCT TTGAGAGGCTCCGCACCCTAAG']
4433	NM_001893.4(CSNK1D):c.137A>G (p.His46Arg)	1453	CSNK1D	['AAGCTTGAATGTGTCAAAACCAAACRCCC TCAGCTCCACATTGAGAGCAAA']
4434	NM_018972.2(GDAP1):c.368A>G (p.His123Arg)	54332	GDAP1	['AGCATGTATTACCCACGGGTACAACRTTAC CGAGAGCTGCTTGACTCCTTG']
4435	NM_032237.4(POMK):c.773A>G (p.Gln258Arg)	84197	POMK	['CATGGGGATTTCGTGGCTCCAGAGCRACT GTGGCCCTATGGAGAGGACGTG']
4436	NM_201647.2(STAMBP):c.125A>G (p.Glu42Gly)	10617	STAMBP	['CGTCGGTACTTCCGCTCTGGAGTTGRGATT ATCCGAATGGCATCCATTTAC']
4437	NM_001946.3(DUSP6):c.566A>G (p.Asn189Ser)	1848	DUSP6	['ACTACCATCCGAGTCTGTTGCACTAYTGGG GTCTCGGTCAAGGTCAGACTC']
4438	NM_003867.3(FGF17):c.560A>G (p.Asn187Ser)	8822	FGF17	['TACCAAGGCCAGCTGCCCTTCCCCARCCAC GCCGAGAAGCAGAAGCAGTTC']
4439	NM_013281.3(FLRT3):c.1016A>G (p.Lys339Arg)	-1	-	['GGGCTCATGTGCCAAGCCCCAGAAARGGT TCGTGGGATGGCTATTAAGGAT']
4440	NM_015560.2(OPA1):c.1146A>G (p.Ile382Met)	4976	OPA1	['TTTTTATTTTTCCTGAGTAGACCATRTCCTT AAATGTAAAAGGCCCTGGAC']
4441	NM_030964.3(SPRY4):c.530A>G (p.Lys177Arg)	81848	SPRY4	['CCGGCGGTCCCACCCGAGCTGGACARGCA CTTCTTGCTGTGCGAGGCCTGT']
4442	NM_002972.3(SBF1):c.1249A>G (p.Met417Val)	6305	SBF1	['AAGGCCATGCCCTCCAGCACCTTCAYCAG GAAATCGTCCTCTACCAGCCCA']
4443	NM_002972.3(SBF1):c.4768A>G (p.Thr1590Ala)	6305	SBF1	['TACATGTAATTGTGGAACACAGGCGYCCT CTTGCTCAGCCGGTCCACATAC']
4444	NM_006876.2(B4GAT1):c.1168A>G (p.Asn390Asp)	11041	B4GAT1	['GTTCCATCCCCAAAAGGAGGCTGAARATC AGCACAATAAGATCCTATATCG']
4445	NM_000059.3(BRCA2):c.517-2A>G	675	BRCA2	['AAAATAAACTATTTTCTTTCCTCCCVGGGT CGTCAGACACCAAAACATATT']
4446	NM_000059.3(BRCA2):c.6938-2A>G	675	BRCA2	['ATGTAATATAAAATAATTGTTTCCTRGGCA CAATAAAAGATCGAAGATTGT']
4447	NM_000059.3(BRCA2):c.7008-2A>G	675	BRCA2	['AACTTATATATTTTCTCCCCATTGCDGCAC AACTAAGGAACGTCAAGAGAT']
4448	NM_000059.3(BRCA2):c.7806-2A>G	675	BRCA2	['GATAATATTCTACTTTTATTTGTTCRGGGC TCTGTGTGACACTCCAGGTGT']
4449	NM_000059.3(BRCA2):c.8754+4A	675	BRCA2	['AGCAGACCCAGCTTACCTTGAGGTGRGAG

【表７－６１】

	>G			AGTAAGAGGACATATAATGAGG']
4450	NM_000059.3(BRCA2):c.9118-2A>G	675	BRCA2	['GTTGAATTTTTGTTTTGTTTTCTGTRGGTTTCAGATGAAATTTTATTTCAG']
4451	NM_000059.3(BRCA2):c.9649-2A>G	675	BRCA2	['TAGGCTACGTTTTCATTTTTTTATCRGATGTCTTCTCCTAATTGTGAGATA']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1070A>G (p.Gln357Arg)	3784	KCNQ1	[]
4452	NM_000218.2(KCNQ1):c.1085A>G (p.Lys362Arg)	3784	KCNQ1	['AAGGTGCAGCAGAAGCAGAGGCAGARGCACTTCAACCGGCAGATCCCGGCG']
4453	NM_000218.2(KCNQ1):c.1576A>G (p.Lys526Glu)	3784	KCNQ1	['TCGACGCATGCAGTACTTTGTGGCCVAGAAGAAATTCCAGGTAAGCCCTGT']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1756A>G (p.Asn586Asp)	3784	KCNQ1	[]
4454	NM_000218.2(KCNQ1):c.332A>G (p.Tyr111Cys)	3784	KCNQ1	['CGCACCCACGTCCAGGGCCGCGTCTRCAACTTCCTCGAGCGTCCCACCGGC']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.344A>G (p.Glu115Gly)	3784	KCNQ1	[]
4455	NM_000218.2(KCNQ1):c.773A>G (p.His258Arg)	3784	KCNQ1	['CTCCTGGGCTCCGTGGTCTTCATCCVCCGCCAGGTGGGTGGCCCGGGTTAG']
4456	NM_000218.2(KCNQ1):c.944A>G (p.Tyr315Cys)	3784	KCNQ1	['CAGGTCACAGTCACCACCATCGGCTNTGGGGACAAGGTGCCCCAGACGTGG']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.964A>G (p.Thr322Ala)	3784	KCNQ1	[]
4457	NM_000492.3(CFTR):c.1393-2A>G	1080	CFTR	['CCTAATAATGATGGGTTTTATTTCCRGACTTCACTTCTAATGGTGATTATG']
4458	NM_000492.3(CFTR):c.1766+3A>G	1080	CFTR	['ACAGAAAAAGAAATATTTGAAAGGTVTGTTCTTTGAATACCTTACTTATAA']
4459	NM_000492.3(CFTR):c.1A>G (p.Met1Val)	1080	CFTR	['CAGGGACCCCAGCGCCCGAGAGACCRTGCAGAGGTCGCCTCTGGAAAAGGC']
4460	NM_000492.3(CFTR):c.2989-2A>G	1080	CFTR	['ACCAACATGTTTTCTTTGATCTTACDGTTGTTATTAATTGTGATTGGAGCT']
4461	NM_000492.3(CFTR):c.579+3A>G	1080	CFTR	['ACAACCTGAACAAATTTGATGAAGTNTGTACCTATTGATTTAATCTTTTAG']
4462	NM_007294.3(BRCA1):c.122A>G (p.His41Arg)	672	BRCA1	['GAACCTGTCTCCACAAAGTGTGACCRCATATTTTGCAAGTAAGTTTGAATG']
4463	NM_007294.3(BRCA1):c.1A>G (p.Met1Val)	672	BRCA1	['TTAAAGTTCATTGGAACAGAAAGAARTGGATTTATCTGCTCTTCGCGTTGA']
4464	NM_007294.3(BRCA1):c.212+3A>G	672	BRCA1	['TGTAAGAATGATATAACCAAAAGGTRTATAATTTGGTAATGATGCTAGGTT']
4465	NM_007294.3(BRCA1):c.4097-2A>G	672	BRCA1	['TCTGAACCTCTGTTTTTGTTATTTAVGGTGAAGCAGCATCTGGGTGTGAGA']
4466	NM_007294.3(BRCA1):c.4485-2A>G	672	BRCA1	['GTTTTCTCCTTCCATTTATCTTTCTRGGTCATCCCCTTCTAAATGCCCATC']
4467	NM_007294.3(BRCA1):c.4987-	672	BRCA1	['ATAATGGAATATTTGATTTAATTTCRGATG

【表７－６２】

	2A>G			CTCGTGTACAAGTTTGCCAGA']
4468	NM_007294.3(BRCA1):c.5053A>G (p.Thr1685Ala)	672	BRCA1	['AACTAATCTAATTACTGAAGAGACTRCTCATGTTGTTATGAAAACAGGTAT']
4469	NM_007294.3(BRCA1):c.5407-2A>G	672	BRCA1	['AATGCTCTTTCCTTCCTGGGGATCCDGGGTGTCCACCCAATTGTGGTTGTG']
4470	NM_000540.2(RYR1):c.97A>G (p.Lys33Glu)	6261	RYR1	['CGCTACCGTGCTCAAGGAGCAGCTCRAGCTCTGCCTGGCCGCCGAGGGCTT']
4471	NM_015250.3(BICD2):c.2321A>G (p.Glu774Gly)	23299	BICD2	['CGGCAGCTGGCGGCTGCTGAGGACGRGAAGAAGACGCTGAACTCGCTGCTG']
4472	NM_006012.2(CLPP):c.270+4A>G	8192	CLPP	['CATCGTGTGCGTCATGGGCCCGGTGRGCGCCCCGCGCCGGGACCCTCCCCA']
4473	NM_004656.3(BAP1):c.277A>G (p.Thr93Ala)	8314	BAP1	['AGGAGCACGCTCAGCAAGGCATGAGHTGCACAAGAGTTGGGTATCAGCTGT']
4474	NM_004315.4(ASAH1):c.965+4A>G	427	ASAH1	['AGGAATCATTGGATGTATATGAGTARGTAGGTTTGTTAAAGCAAAAGAAGT']
4475	NM_000100.3(CSTB):c.169-2A>G	1476	CSTB	['GCTTCGCTCACTCCGCTCTCTTCCCRGGTGCACGTCGGCGACGAGGACTTC']
4476	NM_015268.3(DNAJC13):c.2564A>G (p.Asn855Ser)	23317	DNAJC13	['TTAAAATCTAGGTATGAATTTTTCARTGAGCTTTATCATCGCTTCTTGCTC']
4477	NM_001003722.1(GLE1):c.433-10A>G	2733	GLE1	['CTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAARCCTTTTCAGGAGGGCCTGAGGCTAT']
4478	NM_001142519.1(FAM111A):c.1583A>G (p.Asp528Gly)	63901	FAM111A	['TTCCAGAAAATAGTTCACAACCCTGDTGTGATTACCTATGACACTGAATTT']
4479	NM_001142519.1(FAM111A):c.1012A>G (p.Thr338Ala)	63901	FAM111A	['GCATAGAACAACGTTTGGGAAAGTARCAAAAAATTCTTCTTCGATTAAAGT']
4480	NM_001927.3(DES):c.1289-2A>G	1674	DES	['CTGAGTGTGCGATGGACCCTGTTACRGAAACCAGCCCTGAGCAAAGGGGTT']
4481	NM_014795.3(ZEB2):c.3134A>G (p.His1045Arg)	9839	ZEB2	['AAACACAAGCACCACCTTATCGAGCRCTCAAGGCTTCACTCGGGCGAGAAG']
4482	NM_002163.2(IRF8):c.322A>G (p.Lys108Glu)	3394	IRF8	['CCAACTGGACATTTCCGAGCCATACRAAGTTTACCGAATTGTTCCTGAGGA']
4483	NM_002163.2(IRF8):c.238A>G (p.Thr80Ala)	3394	IRF8	['CAAAGCTGAACCAGCCACTTGGAAGRCGAGGTTACGCTGTGCTTTGAATAA']
4484	NM_001287.5(CLCN7):c.296A>G (p.Tyr99Cys)	1186	CLCN7	['TGTCCCGGCCTGCAGAGCTTGGACTRTGACAACAGTGAGAACCAGCTGTTC']
4485	NM_001127217.2(SMAD9):c.127A>G (p.Lys43Glu)	4093	SMAD9	['AGAGAAGGCAGTGGACTCTCTAGTGRAGAAGTTAAAGAAGAAGAAGGGAGC']
4486	NM_002246.2(KCNK3):c.575A>G (p.Tyr192Cys)	3777	KCNK3	['TGGACCTTCTTCCAGGCCTACTACTRCTGCTTCATCACCCTCACCACCATC']
4487	NM_080605.3(B3GALT6):c.1A>G (p.Met1Val)	126792	B3GALT6	['CGCCACGCCCGCCGCAGCAGCTTCAYGGCGCCCGCGCCGGGCCGGCGGCCC']
4488	NM_080605.3(B3GALT6):c.193A>G (p.Ser65Gly)	126792	B3GALT6	['CGGCGCTCGGCGGCGCGGGGCGCGCYGGCCACCAGCACTGCCAGGAAGGCG']
4489	NM_000388.3(CASR):c.85A>G	846	CASR	['CGGGCCAGACCAGCGAGCCCAAAAGRAGG

【表７－６３】

	(p.Lys29Glu)			GGGACATTATCCTTGGGGGGCT']
4490	NM_003793.3(CTSF):c.962A>G (p.Gln321Arg)	8722	CTSF	['GGGACCCTGCTCTCCCTCTCTGAACRGGGT GAGCATCTCGCTCTACTCCTC']
4491	NM_003793.3(CTSF):c.692A>G (p.Tyr231Cys)	8722	CTSF	['GAGATCACTGAACTTGGTGACTCCAYACT GAGCTGTGCCACGGTCCAGGGC']
4492	NM_022114.3(PRDM16):c.2447A>G (p.Asn816Ser)	63976	PRDM16	['GGCAGCCGGGCCCGTGCCAGCCAAARCGG CGGCGGGCGGGAGCCCCGCAAG']
4493	NM_173551.4(ANKS6):c.1322A>G (p.Gln441Arg)	203286	ANKS6	['GGGCAGCACTGGGATGCTCCAGGGCYGTC GGACCTTCGAGTGGGGCAGGGG']
4494	NM_005689.2(ABCB6):c.508A>G (p.Ser170Gly)	10058	ABCB6	['GAACTTGGCCCTGGTGTCTTGGAACRGCCC ACAGTGGTGGTGGGCAAGGGC']
4495	NM_001070.4(TUBG1):c.275A>G (p.Tyr92Cys)	7283	TUBG1	['AAGCTCTACAACCCAGAGAACATCTRCCT GTCGGAACATGGAGGAGGAGCT']
4496	NM_001613.2(ACTA2):c.145A>G (p.Met49Val)	59	ACTA2	['ACCTTTTTAGGGGGTGATGGTGGGARTGG GACAAAAAGACAGCTACGTGGG']
4497	NM_031157.2(HNRNPA1):c.956A>G (p.Asn319Ser)	3178	HNRNPA1	['AGCTACAATGATTTTGGGAATTACARCAAT CAGTCTTCAAATTTTGGACCC']
4498	NM_020117.9(LARS):c.1118A>G (p.Tyr373Cys)	51520	LARS	['CTTAATAGTTAGCATTGGGAGAACAYAGA TCACCTTGTATGATGTTAAAGG']
4499	NM_001651.3(AQP5):c.367A>G (p.Asn123Asp)	362	AQP5	['CTAACCCGCTATCCCCTTGCAGCTCRACAA CAACACAACGCAGGGCCAGGC']
4500	m.13637A>G	4540	MT-ND5	['ATAATTCTTCTCACCCTAACAGGTCRACCT CGCTTCCCCACCCTTACTAAC']
4501	NM_000081.3(LYST):c.10127A>G (p.Asn3376Ser)	1130	LYST	['GGGAAGGCTTCTGTTCAAGCGATCARTGTT TTTCATCCTGCTGTAAGTGAC']
4502	NM_000142.4(FGFR3):c.2421A>G (p.Ter807Trp)	2261	FGFR3	['CCAGCAGTGGGGGCTCGCGGACGTGNAGG GCCACTGGTCCCCAACAATGTG']
4503	NM_000207.2(INS):c.*59A>G	-1	-	['TCCTGCACCGAGAGAGATGGAATAARGCC CTTGAACCAGCCCTGCTGTGCC']
4504	NM_000370.3(TTPA):c.191A>G (p.Asp64Gly)	7274	TTPA	['CTGCGCGCCCGGGATTTCGATCTGGRCCTG GCCTGGCGGGTAAGCGTGCGT']
4505	NM_001006657.1(WDR35):c.2912A>G (p.Tyr971Cys)	57539	WDR35	['AAACCTTTACGTGTCAAGAAGCTCTRTGTA CTGTCAGCCTTACTTATAGAG']
4506	NM_004595.4(SMS):c.443A>G (p.Gln148Arg)	6611	SMS	['GTATATGACGAAGATTCACCTTATCRAAAT ATAAAAATTCTACACTCGAAG']
4507	NM_005259.2(MSTN):c.458A>G (p.Lys153Arg)	-1	-	['AAAATACAATACAATAAAGTAGTAARGGC CCAACTATGGATATATTTGAGA']
4508	NM_000784.3(CYP27A1):c.1061A>G (p.Asp354Gly)	1593	CYP27A1	['TGGGCCCTGTACCACCTCTCAAAGGRCCCT GAGATCCAGGAGGCCTTGCAC']
4509	NM_000784.3(CYP27A1):c.776A>G (p.Lys259Arg)	1593	CYP27A1	['TCACTCTATGCCACCTTCCTCCCCARGTGG ACTCGCCCCGTGCTGCCTTTC']
4510	NM_000540.2(RYR1):c.10100A>G (p.Lys3367Arg)	6261	RYR1	['ATCCCAACTATCGGGCGGCTGCGCARGAG GGCAGGGAAGGTGGTGTCCGAG']
4511	NM_000540.2(RYR1):c.14572A>G	6261	RYR1	['CTACCTGTACACCGTGGTGGCCTTCRACTT

【表７－６４】

	(p.Asn4858Asp)			CTTCCGCAAGTTCTACAACAA']
4512	NM_000540.2(RYR1):c.14740A>G (p.Arg4914Gly)	6261	RYR1	['CGCGGGTGACGAATACGAGCTCTACRGGG TGGTCTTCGACATCACCTTCTT']
4513	NM_000540.2(RYR1):c.14591A>G (p.Tyr4864Cys)	6261	RYR1	['GCCTTCAACTTCTTCCGCAAGTTCTRCAAC AAGAGCGAGGATGAGGATGAA']
4514	NM_002336.2(LRP6):c.1298A>G (p.Asn433Ser)	4040	LRP6	['GATCGAATAGAAGTGACAAGGCTCARTGG GACCATGAGGAAGATCTTGATT']
4515	NM_001257235.1(ALG13):c.8A>G (p.Asn3Ser)	79868	ALG13	['GTTATAAACGAAAAGTTGATGAACARTCA TCAGCTGGAACTGGCAAAGCAG']
4516	NM_001015879.1(AURKC):c.379-2A>G	6795	AURKC	['CAGGGTGACTTTTCTTTGCACCCACRGATA ATAGAGGAGTTGGCAGATGCC']
4517	NM_012160.4(FBXL4):c.1694A>G (p.Asp565Gly)	26235	FBXL4	['AATTGTACCAGGTTACAGCAGCTGGRCAT ATTAGGTAAGGTTACAATATAT']
4518	NM_020988.2(GNAO1):c.521A>G (p.Asp174Gly)	2775	GNAO1	['GCCGACTACCAGCCCACCGAGCAGGRCAT CCTCCGAACCAGGGTCAAAACC']
4519	NM_001927.3(DES):c.1024A>G (p.Asn342Asp)	1674	DES	['GACCTGGGTTCCCCCTCTCCTGCAGRACGA TTCCCTGATGAGGCAGATGCG']
4520	NM_001927.3(DES):c.1333A>G (p.Thr445Ala)	1674	DES	['GGGTTCTGAGGTCCATACCAAGAAGRCGG TGATGATCAAGACCATCGAGAC']
4521	NM_001927.3(DES):c.735+3A>G	1674	DES	['TCCTTAAGAAAGTGCATGAAGAGGTRTAC CTTGGCCCCTCTTCCTGGGGTC']
4522	NM_002055.4(GFAP):c.1097A>G (p.Tyr366Cys)	2670	GFAP	['GCCCTGGACATCGAGATCGCCACCTRCAG GAAGCTGCTAGAGGGCGAGGAG']
4523	NM_002055.4(GFAP):c.1112A>G (p.Glu371Gly)	2670	GFAP	['ATCGCCACCTACAGGAAGCTGCTAGDGGG CGAGGAGAACCGGTGAGCCCTC']
4524	NM_002055.4(GFAP):c.1121A>G (p.Glu374Gly)	2670	GFAP	['TACAGGAAGCTGCTAGAGGGCGAGGRGAA CCGGTGAGCCCTCATCACAGCC']
4525	NM_002055.4(GFAP):c.230A>G (p.Asn77Ser)	2670	GFAP	['GAGCGGGCAGAGATGATGGAGCTCARTGA CCGCTTTGCCAGCTACATCGAG']
4526	NM_002055.4(GFAP):c.770A>G (p.Tyr257Cys)	2670	GFAP	['AACATGCATGAAGCCGAAGAGTGGTRCCG CTCCAAGGTAGCCCTGCCTGTG']
4527	NM_002055.4(GFAP):c.835A>G (p.Lys279Glu)	2670	GFAP	['CAACGCGGAGCTGCTCCGCCAGGCCRAGC ACGAAGCCAACGACTACCGGCG']
4528	NM_005554.3(KRT6A):c.511A>G (p.Asn171Asp)	3853	KRT6A	['GGAGCGTGAACAGATCAAGACCCTCDACA ACAAGTTTGCCTCCTTCATCGA']
4529	NM_005554.3(KRT6A):c.512A>G (p.Asn171Ser)	3853	KRT6A	['GAGCGTGAACAGATCAAGACCCTCAVCAA CAAGTTTGCCTCCTTCATCGAC']
4530	NM_005557.3(KRT16):c.373A>G (p.Asn125Asp)	3868	KRT16	['TGAGAAGGTGACCATGCAGAACCTCRATG ACCGCCTGGCCTCCTACCTGGA']
4531	NM_170707.3(LMNA):c.640-10A>G	4000	LMNA	['TTTTGGTTTCTGTGTCCTTCCTCCAVCCCTT CCAGGAGCTGCGTGAGACCA']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1061A>G (p.Lys354Arg)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1138A>	3784	KCNQ1	[]

【表７－６５】

	G (p.Arg380Gly)			
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1193A>G (p.Lys398Arg)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1640A>G (p.Gln547Arg)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1669A>G (p.Lys557Glu)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1705A>G (p.Lys569Glu)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.1793A>G (p.Lys598Arg)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.430A>G (p.Thr144Ala)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.440A>G (p.Gln147Arg)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.548A>G (p.Lys183Arg)	3784	KCNQ1	[]
4532	NM_000218.2(KCNQ1):c.592A>G (p.Ile198Val)	3784	KCNQ1	['GCGGCTGCGCTTTGCCCGGAAGCCCRTTTCCATCATCGGTGAGTCATGCCT']
4533	NM_000218.2(KCNQ1):c.652A>G (p.Lys218Glu)	3784	KCNQ1	['CATGGTGGTCCTCTGCGTGGGCTCCRAGGGGCAGGTGTTTGCCACGTCGGC']
4534	NM_000218.2(KCNQ1):c.820A>G (p.Ile274Val)	3784	KCNQ1	['CCTGTACATCGGCTTCCTGGGCCTCRTCTTCTCCTCGTACTTTGTGTACCT']
	NM_000218.2(KCNQ1):c.842A>G (p.Tyr281Cys)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.931A>G (p.Thr311Ala)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000218.2(KCNQ1):c.950A>G (p.Asp317Gly)	3784	KCNQ1	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1205A>G (p.His402Arg)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1259A>G (p.Tyr420Cys)	3757	KCNH2	[]
4535	NM_000238.3(KCNH2):c.1280A>G (p.Tyr427Cys)	3757	KCNH2	['ATCTACACGGCTGTCTTCACACCCTVCTCGGCTGCCTTCCTGCTGAAGGAG']
	NM_000238.3(KCNH2):c.128A>G (p.Tyr43Cys)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1424A>G (p.Tyr475Cys)	3757	KCNH2	[]
4536	NM_000238.3(KCNH2):c.1478A>G (p.Tyr493Cys)	3757	KCNH2	['CACCCCGGCCGCATCGCCGTCCACTNCTTCAAGGGCTGGTTCCTCATCGAC']
	NM_000238.3(KCNH2):c.1502A>G (p.Asp501Gly)	3757	KCNH2	[]
4537	NM_000238.3(KCNH2):c.1685A>	3757	KCNH2	['ATGTGCACCTTTGCGCTCATCGCGCVCTGG

【表７－６６】

	G (p.His562Arg)			CTAGCCTGCATCTGGTACGCC']
4538	NM_000238.3(KCNH2):c.1711A>G (p.Ile571Val)	3757	KCNH2	['CTGGCTAGCCTGCATCTGGTACGCCVTCGGCAACATGGAGCAGCCACACAT']
4539	NM_000238.3(KCNH2):c.1720A>G (p.Met574Val)	3757	KCNH2	['CTGCATCTGGTACGCCATCGGCAACVTGGAGCAGCCACACATGGACTCACG']
	NM_000238.3(KCNH2):c.1724A>G (p.Glu575Gly)	3757	KCNH2	[]
4540	NM_000238.3(KCNH2):c.173A>G (p.Glu58Gly)	3757	KCNH2	['GAGCTGTGCGGCTACTCGCGGGCCGVGGTGATGCAGCGACCCTGCACCTGC']
	NM_000238.3(KCNH2):c.1747A>G (p.Ile583Val)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1762A>G (p.Asn588Asp)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1777A>G (p.Ile593Val)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1783A>G (p.Lys595Glu)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1790A>G (p.Tyr597Cys)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1826A>G (p.Asp609Gly)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1847A>G (p.Tyr616Cys)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1885A>G (p.Asn629Asp)	3757	KCNH2	[]
4541	NM_000238.3(KCNH2):c.1886A>G (p.Asn629Ser)	3757	KCNH2	['AGCCTCACCAGTGTGGGCTTCGGCANCGTCTCTCCCAACACCAACTCAGAG']
	NM_000238.3(KCNH2):c.1897A>G (p.Asn633Asp)	3757	KCNH2	[]
4542	NM_000238.3(KCNH2):c.1898A>G (p.Asn633Ser)	3757	KCNH2	['GTGGGCTTCGGCAACGTCTCTCCCADCACCAACTCAGAGAAGATCTTCTCC']
	NM_000238.3(KCNH2):c.1903A>G (p.Asn635Asp)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1910A>G (p.Glu637Gly)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.1912A>G (p.Lys638Glu)	3757	KCNH2	[]
4543	NM_000238.3(KCNH2):c.1933A>G (p.Met645Val)	3757	KCNH2	['AGAGAAGATCTTCTCCATCTGCGTCDTGCTCATTGGCTGTGAGTGTGCCCA']
	NM_000238.3(KCNH2):c.209A>G (p.His70Arg)	3757	KCNH2	[]
4544	NM_000238.3(KCNH2):c.2131A>G (p.Ile711Val)	3757	KCNH2	['GCACGCCTGGTCCTACACCAACGGCRTCGACATGAACGCGGTGAGGCCACC']
	NM_000238.3(KCNH2):c.2266A>	3757	KCNH2	[]

【表７－６７】

	G (p.Met756Val)			
	NM_000238.3(KCNH2):c.2510A>G (p.Asp837Gly)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.2591A>G (p.Asp864Gly)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.286A>G (p.Ile96Val)	3757	KCNH2	[]
4545	NM_000238.3(KCNH2):c.301A>G (p.Lys101Glu)	3757	KCNH2	['CAAAGTGGAAATCGCCTTCTACCGGDAAGATGGTAGGAGCGGGCCGGGGCG']
4546	NM_000238.3(KCNH2):c.3118A>G (p.Ser1040Gly)	3757	KCNH2	['TCGGCGGCCCCGGGGCGACGTGGAGRGCAGGCTGGATGCCCTCCAGCGCCA']
	NM_000238.3(KCNH2):c.3233A>G (p.Tyr1078Cys)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.3343A>G (p.Met1115Val)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.652A>G (p.Met218Val)	3757	KCNH2	[]
	NM_000238.3(KCNH2):c.82A>G (p.Lys28Glu)	3757	KCNH2	[]
	NM_000891.2(KCNJ2):c.220A>G (p.Thr74Ala)	3759	KCNJ2	[]
	NM_000891.2(KCNJ2):c.223A>G (p.Thr75Ala)	3759	KCNJ2	[]
	NM_000891.2(KCNJ2):c.233A>G (p.Asp78Gly)	3759	KCNJ2	[]
	NM_000891.2(KCNJ2):c.574A>G (p.Thr192Ala)	3759	KCNJ2	[]
4547	NM_000891.2(KCNJ2):c.913A>G (p.Thr305Ala)	3759	KCNJ2	['CATACTGGAAGGCATGGTGGAAGCCVCTGCCATGACGACACAGTGCCGTAG']
	NM_172201.1(KCNE2):c.269A>G (p.Glu90Gly)	9992	KCNE2	[]
4548	NM_172201.1(KCNE2):c.281A>G (p.Glu94Gly)	9992	KCNE2	['CAGTACATTGTAGAGGACTGGCAGGRAAAGTACAAGAGCCAAATCTTGAAT']
	NM_000335.4(SCN5A):c.1217A>G (p.Asn406Ser)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.1502A>G (p.Asp501Gly)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.2249A>G (p.Gln750Arg)	6331	SCN5A	[]
	NM_198056.2(SCN5A):c.2527A>G (p.Thr843Ala)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.2780A>G (p.Asn927Ser)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.3164A>G	6331	SCN5A	[]

【表７－６８】

	(p.Asp1055Gly)			
	NM_000335.4(SCN5A):c.343A>G (p.Ser115Gly)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.3755A>G (p.Glu1252Gly)	6331	SCN5A	[]
4549	NM_000335.4(SCN5A):c.376A>G (p.Lys126Glu)	6331	SCN5A	['AAAGGATATGAGTGAACCAGAATCTYCAC AGCCGCTCTCCGGATGGGGTGG']
4550	NM_198056.2(SCN5A):c.4000A>G (p.Ile1334Val)	6331	SCN5A	['TGCCCTGGTGGGCGCCATCCCGTCCRTCAT GAACGTCCTCCTCGTCTGCCT']
	NM_000335.4(SCN5A):c.4223A>G (p.Tyr1408Cys)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4252A>G (p.Lys1418Glu)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4291A>G (p.Arg1431Gly)	6331	SCN5A	[]
	NM_198056.2(SCN5A):c.4346A>G (p.Tyr1449Cys)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4412A>G (p.Asn1471Ser)	6331	SCN5A	[]
4551	NM_198056.2(SCN5A):c.4478A>G (p.Lys1493Arg)	6331	SCN5A	['ATCTTCATGACAGAGGAGCAGAAGARGTA CTACAATGCCATGAAGAAGCTG']
	NM_000335.4(SCN5A):c.4489A>G (p.Met1497Val)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.4577A>G (p.Lys1526Arg)	6331	SCN5A	[]
4552	NM_198056.2(SCN5A):c.4978A>G (p.Ile1660Val)	6331	SCN5A	['GATGTCCCTGCCTGCCCTCTTCAACRTCGG GCTGCTGCTCTTCCTCGTCAT']
	NM_000335.4(SCN5A):c.5138A>G (p.Asp1713Gly)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.5161A>G (p.Asn1721Asp)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.5297A>G (p.Tyr1766Cys)	6331	SCN5A	[]
	NM_198056.2(SCN5A):c.5302A>G (p.Ile1768Val)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.5317A>G (p.Asn1773Asp)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.5318A>G (p.Asn1773Ser)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.5366A>G (p.Asp1789Gly)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.5402A>G (p.Asp1801Gly)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.5513A>G	6331	SCN5A	[]

【表７－６９】

	(p.Asp1838Gly)			
	NM_198056.2(SCN5A):c.5726A>G (p.Gln1909Arg)	6331	SCN5A	[]
4553	NM_000335.4(SCN5A):c.688A>G (p.Ile230Val)	6331	SCN5A	['CCGAGTCCTCCGGGCCCTGAAAACTRTATC AGTCATTTCAGGTGAAAATCA']
	NM_000335.4(SCN5A):c.715A>G (p.Ile239Val)	6331	SCN5A	[]
	NM_000335.4(SCN5A):c.89A>G (p.Glu30Gly)	6331	SCN5A	[]
4554	NM_000383.3(AIRE):c.254A>G (p.Tyr85Cys)	326	AIRE	['TTCTGGAGGGTGCTGTTCAAGGACTRCAAC CTGGAGCGCTATGGCCGGCTG']
4555	NM_006920.4(SCN1A):c.1876A>G (p.Ser626Gly)	6323	SCN1A	['ACGCAACAGCAACCTGAGTCAGACCRGTA GGTCATCCCGGATGCTGGCAGT']
4556	NM_006920.4(SCN1A):c.4352A>G (p.Tyr1451Cys)	-1	-	['GAAGAAAGTCTGTACATGTATCTTTRCTTT GTTATTTTCATCATCTTTGGG']
4557	NM_000165.4(GJA1):c.617A>G (p.Lys206Arg)	2697	GJA1	['TGTTTCCTCTCTCGCCCCACGGAGARAACC ATCTTCATCATCTTCATGCTG']
4558	NM_000833.4(GRIN2A):c.1123-2A>G	2903	GRIN2A	['AGCTGTGTCTTTGTGTTTGTGCTGCRGGTG GGCAAGTGGGAGAACCATACG']
4559	NC_000007.14:g.62535490A>G	-1	-	['GGAGAGTTTTGAGGCCTGTGGTTGARATG GAAATATCTTCACAGAAAAACT']
4560	NM_004595.4(SMS):c.983A>G (p.Tyr328Cys)	6611	SMS	['AATCTGACAGAAGCACTGTCGCTCTVTGA AGAACAGCTGGGGCGCCTGTAT']
4561	NM_001256864.1(DNAJC6):c.801-2A>G	9829	DNAJC6	['CAAGAGAGTGCCAACCTTCTGTTTCRGATA CCTGGGCTATATGTGTGACCT']
4562	NM_001204316.1(PRLR):c.635A>G (p.His212Arg)	5618	PRLR	['GTCCAGGTTCGCTGCAAACCAGACCRTGG ATACTGGAGTGCATGGAGTCCA']
4563	NM_012243.2(SLC35A3):c.886A>G (p.Ser296Gly)	23443	SLC35A3	['TTGGCTTCAAGATTTTGTGCCAACCRGGTA AAATGTTCTTTTCTATTTTTT']
4564	NM_000179.2(MSH6):c.3439-2A>G	2956	MSH6	['AAAGACCTTTTCCTCCCTCATTCACRGGCT GGCTTATTAGCTGTAATGGCC']
4565	NM_000249.3(MLH1):c.113A>G (p.Asn38Ser)	4292	MLH1	['AATGCTATCAAAGAGATGATTGAGARCTG GTACGGAGGGAGTCGAGCCGGG']
4566	NM_000249.3(MLH1):c.122A>G (p.Asp41Gly)	4292	MLH1	['TTTTCTGTTTGATTTGCCAGTTTAGRTGCA AAATCCACAAGTATTCAAGTG']
4567	NM_000249.3(MLH1):c.1559-2A>G	4292	MLH1	['TTTTTGGTTTTATTTTTTGTTTTGCNGTTCT CCGGGAGATGTTGCATAACC']
4568	NM_000249.3(MLH1):c.1990-2A>G	4292	MLH1	['TTGAGGTATTGAATTTCTTTGGACCRGGTG AATTGGGACGAAGAAAAGGAA']
4569	NM_000249.3(MLH1):c.208-2A>G	4292	MLH1	['TTTACTCATCTTTTTGGTATCTAACVGAAA GAAGATCTGGATATTGTATGT']
4570	NM_000249.3(MLH1):c.544A>G (p.Arg182Gly)	4292	MLH1	['TGGGAAAATTTTGGAAGTTGTTGGCRGGT ACAGTCCAAAATCTGGGAGTGG']
4571	NM_000249.3(MLH1):c.545+3A>	4292	MLH1	['AAAATTTTGGAAGTTGTTGGCAGGTRCAGT

【表７－７０】

	G			CCAAAATCTGGGAGTGGGTCT']
4572	NM_000249.3(MLH1):c.546-2A>G	4292	MLH1	['TCTTACTCTTTTGTTTTTCTTTTCCVGGTATTCAGTACACAATGCAGGCAT']
4573	NM_000249.3(MLH1):c.589-2A>G	4292	MLH1	['TTGTGTCTTCTGCTGTTTGTTTATCRGCAAGGAGAGACAGTAGCTGATGTT']
4574	NM_000249.3(MLH1):c.677+3A>G	4292	MLH1	['GATTTTTTTATATAGGTTATCGACABACCGACTAACAGCATTTCCAAAGAT']
4575	NM_000249.3(MLH1):c.791-2A>G	4292	MLH1	['ACTGGTTGCTTTCTTTTTATTGTTTRGATCGTCTGGTAGAATCAACTTCCT']
4576	NM_000249.3(MLH1):c.883A>G (p.Ser295Gly)	4292	MLH1	['AAACACACACCCATTCCTGTACCTCVGGTAATGTAGCACCAAACTCCTCAA']
4577	NM_000249.3(MLH1):c.884+4A>G	4292	MLH1	['CACACCCATTCCTGTACCTCAGGTARTGTAGCACCAAACTCCTCAACCAAG']
4578	NM_000251.2(MSH2):c.1277-2A>G	4436	MSH2	['TTTGTTTGTTTTACTACTTTCTTTTVGGAAAACACCAGAAATTATTGTTGG']
4579	NM_000251.2(MSH2):c.1511-2A>G	4436	MSH2	['CTTTTTCTTTTCTTCTTGATTATCARGGCTTGGACCCTGGCAAACAGATTA']
4580	NM_000251.2(MSH2):c.1660A>G (p.Ser554Gly)	4436	MSH2	['GAAGAATGGTGTTAAATTTACCAACNGGTTTGCAAGTCGTTATTATATTTT']
4581	NM_000535.5(PMS2):c.1A>G (p.Met1Val)	5395	PMS2	['CCGAGGCGGATCGGGTGTTGCATCCDTGGAGCGAGCTGAGAGCTCGAGGTG']
4582	NM_000535.5(PMS2):c.989-2A>G	5395	PMS2	['ATAAATATGTTTTCTTTTTTGCCTTRGAATGCGTTGATATCAATGTTACTC']
4583	NM_000059.3(BRCA2):c.426-2A>G	675	BRCA2	['TAAGGGATTTGCTTTGTTTTATTTTRGTCCTGTTGTTCTACAATGTACACA']
4584	NM_024876.3(ADCK4):c.857A>G (p.Asp286Gly)	79934	ADCK4	['CAGCAGGAGCTGGCTTGGGAGTGTGRCTACCGTCGTGAGGCGGCTTGTGCC']
4585	NM_006005.3(WFS1):c.1385A>G (p.Glu462Gly)	7466	WFS1	['TACACGCGCAGGGCCCTGGCCACCGRGGTCACCGCCGGCCTGCTATCGCTG']
4586	NM_000019.3(ACAT1):c.472A>G (p.Asn158Asp)	38	ACAT1	['GGCAGGTGGGATGGAGAGCATGTCCRATGTTCCATATGTAATGAACAGAGG']
4587	NM_000050.4(ASS1):c.496-2A>G	445	ASS1	['TCCACCTGTGCTGTCTCTTTCCTGCRGCAACACGGGATTCCCATCCCGGTC']
4588	NM_000117.2(EMD):c.450-2A>G	2010	EMD	['CCCACTTGCTCCCCTCTTTTGCCTCRGGGAACGCCCCATGTACGGCCGGGA']
4589	NM_000153.3(GALC):c.334A>G (p.Thr112Ala)	2581	GALC	['GCATAATGCATGTGGGAGGGCTCAGBGCCGTCTGAATAGAGGAGAGCAAAA']
4590	NM_000155.3(GALT):c.905-2A>G	2592	GALT	['CCCCACTGTCTCTCTTCTTTCTGTCRGGGGCTCCCACAGGATCAGAGGCTG']
4591	NM_000159.3(GCDH):c.542A>G (p.Glu181Gly)	2639	GCDH	['CTCCTGGGCTGCTTCGGGCTCACAGRGCCCAACAGCGGAAGTGACCCCAGC']
4592	NM_000169.2(GLA):c.509A>G (p.Asp170Gly)	-1	-	['TGGGGAGTAGATCTGCTAAAATTTGRTGGTTGTTACTGTGACAGTTTGGAA']
4593	NM_000169.2(GLA):c.548-2A>G	-1	-	['TATTTTACCCATTGTTTTCTCATACRGGTTA

【表７－７１】

				TAAGCACATGTCCTTGGCCC']
4594	NM_000169.2(GLA):c.647A>G (p.Tyr216Cys)	-1	-	['TCATATCTGTTTTCACAGCCCAATTRTACA GAAATCCGACAGTACTGCAAT']
4595	NM_000232.4(SGCB):c.1A>G (p.Met1Val)	6443	SGCB	['GCTCGGCGGCGGCGGGCGCGGGAAGRTGG CGGCAGCGGCGGCGGCGGCTGC']
4596	NM_000255.3(MUT):c.1445-2A>G	4594	MUT	['TAAAATTTTTCTTTGGGAAATTACCRGGTT CTGAAGTAATTGTTGGAGTAA']
4597	NM_000277.1(PAH):c.533A>G (p.Glu178Gly)	5053	PAH	['AGTGGGCAGCCCATCCCTCGAGTGGDATA CATGGAGGAAGAAAAGAAAACA']
4598	NM_000277.1(PAH):c.974A>G (p.Tyr325Cys)	5053	PAH	['CAGATTGACTTTCCATTCCAGATTTRCTGG TTTACTGTGGAGTTTGGGCTC']
4599	NM_000328.2(RPGR):c.155-2A>G	6103	RPGR	['TGATTATTTCTTTTTCCCTCCTACCRGGAA ATAATAAACTTTACATGTTTG']
4600	NM_000350.2(ABCA4):c.4540-2A>G	24	ABCA4	['ATTAACGTGGGTGTCTCATTGCCTCRGAGA ACACAGCGCAGCACGGAAATT']
4601	NM_000350.2(ABCA4):c.67-2A>G	24	ABCA4	['TTCTCTCTTTTTGTTTTGTTTTTCCRGATTC GCTTTGTGGTGGAACTCGTG']
4602	NM_000487.5(ARSA):c.1108-2A>G	410	ARSA	['CCCCGTGACCCCTGACTCTGCCCCCRGAGC CCTCGGCAGTCTCTCTTCTTC']
4603	NM_000489.4(ATRX):c.134-2A>G	546	ATRX	['TAATGTTCTTTATTTCTTCTTTTTTRGATAA AATCAGTGGTTCTGGAAGTA']
4604	NM_000489.4(ATRX):c.536A>G (p.Asn179Ser)	546	ATRX	['TGCACTGCTTGTGGACAACAGGTCARTCAT TTTCAAAAAGATTCCATTTAT']
4605	NM_000512.4(GALNS):c.1171A>G (p.Met391Val)	2588	GALNS	['CTTCTATTACCGTGGCGACACGCTGRTGGC GGCCACCCTCGGGCAGCACAA']
4606	NM_000521.3(HEXB):c.1243-2A>G	3074	HEXB	['ATGTATTGCAATTTGTAACGTTAATRGCTT GCGCCGGGCACAATAGTTGAA']
4607	NM_000531.5(OTC):c.238A>G (p.Lys80Glu)	5009	OTC	['ATAGTATTTGCCTTTATTGCAAGGGRAGTC CTTAGGCATGATTTTTGAGAA']
4608	NM_000551.3(VHL):c.233A>G (p.Asn78Ser)	7428	VHL	['GAGCCCTCCCAGGTCATCTTCTGCARTCGC AGTCCGCGCGTCGTGCTGCCC']
4609	NM_001848.2(COL6A1):c.805-2A>G	1291	COL6A1	['CCAACCTTGACCTGTTTTGTGTTCCRGGGA GAACGAGGCAAGCCGGGGCTC']
4610	NM_001918.3(DBT):c.773-2A>G	1629	DBT	['AATGAATAACAATTTAATGCTTTTCRGGCT TTCAAAAAGCAATGGTCAAGA']
4611	NM_003482.3(KMT2D):c.5645-2A>G	8085	KMT2D	['TCAACAGTGTCCTTCATTCCCCCACRGAAC TGCCCAAGATGGAATCCAAGG']
4612	NM_003494.3(DYSF):c.1398-2A>G	8291	DYSF	['CAGGCCCTCTCTGCTCCCTTGCTCTRGGGA CCGCCTGACTCACAATGACAT']
4613	NM_004006.2(DMD):c.1332-9A>G	1756	DMD	['AAGAGGTCATAATAGGCTTCTTTCAVATTT TCAGTTTACATAGAGTTTTAA']
4614	NM_004006.2(DMD):c.3432+3A>G	1756	DMD	['AGTGGGATCACATGTGCCAACAGGTRTAG ACAATCTCTTTCACTGTGGCTT']
4615	NM_004006.2(DMD):c.6763-2A>G	1756	DMD	['AAACGTTGTTGCATTTGTCTGTTTCRGTTA

【表７－７２】

				CTGGTGGAAGAGTTGCCCCTG']
4616	NM_004006.2(DMD):c.9224+61934A>G	1756	DMD	['AGCTGTGAATGCTTCATTCAGGCCCRAGTAAATATAGGAAGAGGTGTAGTG']
4617	NM_004006.2(DMD):c.9225-647A>G	1756	DMD	['GCTGTGAATGCTTCATTCAGGCCCARGTAAATATAGGAAGAGGTGTAGTGG']
4618	NM_004006.2(DMD):c.9650-2A>G	1756	DMD	['TGTTGCAATTTTCTTCTTCCTTTGTRGACCTTTTCAAGCAAGTGGCAAGTT']
4619	NM_015560.2(OPA1):c.983A>G (p.Lys328Arg)	4976	OPA1	['GAGATGATGACACGTTCTCCAGTTAVGGTAAGAACATAGGCCGTCTCAGTG']
4620	NM_144997.5(FLCN):c.1433-2A>G	201163	FLCN	['TTGCTCTGCCCCTGCCCTTCTCCCCRGTGGGCCCCACCATCCTGAATAAGA']
4621	NM_144997.5(FLCN):c.250-2A>G	201163	FLCN	['AGATTTACTTTTCCTTTTCATGGACRGGGCTGCCGGTCACTTGCTGCAGGG']
4622	NM_000146.3(FTL):c.1A>G (p.Met1Val)	2512	FTL	['GTTAGCTCCTTCTTGCCAACCAACCRTGAGCTCCCAGATTCGTCAGAATTA']
4623	NM_024531.4(SLC52A2):c.914A>G (p.Tyr305Cys)	79581	SLC52A2	['GTGCAGAGCTTTTCCTGCTTACCCTRCGGGCGTCTGGCCTACCACCTGGCT']
4624	NM_001743.5(CALM2):c.293A>G (p.Asn98Ser)	805	CALM2	['TACTAAATTTTTTGCTAGGATGGCADTGGCTATATTAGTGCTGCAGAACTT']
4625	NM_014754.2(PTDSS1):c.1058A>G (p.Gln353Arg)	9791	PTDSS1	['ACACAGTGCAAGCGCGTAGGAACACRATGCTGGGTGTTTGGGTGAGTAATC']
4626	NM_052844.3(WDR34):c.1307A>G (p.Lys436Arg)	89891	WDR34	['GGACCAGCGCACAGCAAACAGATACYTGAGGGAGAGCTGCAGCGAAGTCAA']
4627	NM_001130010.2(C15orf41):c.281A>G (p.Tyr94Cys)	84529	C15orf41	['TACTTCTGTTTTATAAAGGTGGACTVTGCGCCCTCATTAATGGCTCGGCTT']
4628	NM_001290048.1(ATL3):c.521A>G (p.Tyr174Cys)	25923	ATL3	['AATTTCATCCATTGCCAGACGACCGYATTCTGTGAAGAGCTTTAAAAAAGA']
4629	NM_000531.5(OTC):c.1034A>G (p.Tyr345Cys)	5009	OTC	['GTCATGGTGTCCCTGCTGACAGATTRCTCACCTCAGCTCCAGAAGCCTAAA']
4630	NM_000531.5(OTC):c.122A>G (p.Asp41Gly)	5009	OTC	['AATAAAGTGCAGCTGAAGGGCCGTGRCCTTCTCACTCTAAAAAACTTTACC']
4631	NM_000531.5(OTC):c.155A>G (p.Glu52Gly)	5009	OTC	['ACTCTAAAAAACTTTACCGGAGAAGRAATTAAATATATGCTATGGCTATCA']
4632	NM_000531.5(OTC):c.1A>G (p.Met1Val)	5009	OTC	['TCGTCCTTTACACAATTAAAAGAAGDTGCTGTTTAATCTGAGGATCCTGTT']
4633	NM_000531.5(OTC):c.268A>G (p.Ser90Gly)	5009	OTC	['CTTAGGCATGATTTTTGAGAAAAGARGTACTCGAACAAGATTGTCTACAGA']
4634	NM_000531.5(OTC):c.277A>G (p.Thr93Ala)	5009	OTC	['GATTTTTGAGAAAAGAAGTACTCGARCAAGATTGTCTACAGAAACAGGTAA']
4635	NM_000531.5(OTC):c.350A>G (p.His117Arg)	5009	OTC	['TGTTTTCTTACCACACAAGATATTCDTTTGGGTGTGAATGAAAGTCTCACG']
4636	NM_000531.5(OTC):c.377A>G (p.Asp126Gly)	5009	OTC	['TTGGGTGTGAATGAAAGTCTCACGGRCACGGCCCGGTTTGTAAATATTTTC']
4637	NM_000531.5(OTC):c.387-2A>G	5009	OTC	['GATTATCTTTTTCTTGGTTTGCCACNGTGT

【表７－７３】

				ATTGTCTAGCATGGCAGATGC']
4638	NM_000531.5(OTC):c.481A>G (p.Asn161Asp)	5009	OTC	['TAAAGAAGCATCCATCCCAATTATCRATG GGCTGTCAGATTTGTACCATCC']
4639	NM_000531.5(OTC):c.482A>G (p.Asn161Ser)	5009	OTC	['AAAGAAGCATCCATCCCAATTATCARTGG GCTGTCAGATTTGTACCATCCT']
4640	NM_000531.5(OTC):c.503A>G (p.His168Arg)	5009	OTC	['ATCAATGGGCTGTCAGATTTGTACCVTCCT ATCCAGATCCTGGCTGATTAC']
4641	NM_000531.5(OTC):c.524A>G (p.Asp175Gly)	5009	OTC	['TACCATCCTATCCAGATCCTGGCTGDTTAC CTCACGCTCCAGGTTGGTTTA']
4642	NM_000531.5(OTC):c.527A>G (p.Tyr176Cys)	5009	OTC	['CATCCTATCCAGATCCTGGCTGATTRCCTC ACGCTCCAGGTTGGTTTATTT']
4643	NM_000531.5(OTC):c.541-2A>G	5009	OTC	['TCATCTCCTTCATCCCGTGCCTTTTRGGAA CACTATAGCTCTCTGAAAGGT']
4644	NM_000531.5(OTC):c.542A>G (p.Glu181Gly)	5009	OTC	['TCTCCTTCATCCCGTGCCTTTTAGGRACAC TATAGCTCTCTGAAAGGTCTT']
4645	NM_000531.5(OTC):c.548A>G (p.Tyr183Cys)	5009	OTC	['TCATCCCGTGCCTTTTAGGAACACTRTAGC TCTCTGAAAGGTCTTACCCTC']
4646	NM_000531.5(OTC):c.595A>G (p.Asn199Asp)	5009	OTC	['CCTCAGCTGGATCGGGGATGGGAACRATA TCCTGCACTCCATCATGATGAG']
4647	NM_000531.5(OTC):c.596A>G (p.Asn199Ser)	5009	OTC	['CTCAGCTGGATCGGGGATGGGAACARTAT CCTGCACTCCATCATGATGAGC']
4648	NM_000531.5(OTC):c.613A>G (p.Met205Val)	5009	OTC	['TGGGAACAATATCCTGCACTCCATCRTGAT GAGCGCAGCGAAATTCGGAAT']
4649	NM_000531.5(OTC):c.716A>G (p.Glu239Gly)	5009	OTC	['AAGTTGGCAGAGCAGTATGCCAAAGDGGT ATGCTCTTTACATGTAAAGCTA']
4650	NM_000531.5(OTC):c.717+3A>G	5009	OTC	['TGGCAGAGCAGTATGCCAAAGAGGTRTGC TCTTTACATGTAAAGCTATTAT']
4651	NM_000531.5(OTC):c.718-2A>G	5009	OTC	['TTTAACCAGCGTGTTTATGTATGCTRGAAT GGTACCAAGCTGTTGCTGACA']
4652	NM_000531.5(OTC):c.788A>G (p.Asp263Gly)	5009	OTC	['CATGGAGGCAATGTATTAATTACAGRCAC TTGGATAAGCATGGGACAAGAA']
4653	NM_000531.5(OTC):c.790A>G (p.Thr264Ala)	5009	OTC	['TGGAGGCAATGTATTAATTACAGACRCTTG GATAAGCATGGGACAAGAAGA']
4654	NM_000531.5(OTC):c.905A>G (p.His302Arg)	5009	OTC	['GCTGCCTCTGACTGGACATTTTTACDCTGC TTGCCCAGAAAGCCAGAAGAA']
4655	NM_000531.5(OTC):c.929A>G (p.Glu310Gly)	5009	OTC	['CACTGCTTGCCCAGAAAGCCAGAAGRAGT GGATGATGAAGTCTTTTATTCT']
4656	NM_000531.5(OTC):c.988A>G (p.Arg330Gly)	5009	OTC	['ACTAGTGTTCCCAGAGGCAGAAAACRGAA AGTGGACAATCATGGTAAGCAA']
4657	NM_000322.4(PRPH2):c.422A>G (p.Tyr141Cys)	5961	PRPH2	['GGGCTCAAGAACGGCATGAAGTACTRCCG GGACACAGACACCCCTGGCAGG']
	NM_003590.4(CUL3):c.1207-26A>G	8452	CUL3	[]
	NM_003590.4(CUL3):c.1376A>G	8452	CUL3	[]

【表７－７４】

	(p.Lys459Arg)			
	NM_003590.4(CUL3):c.1377+3A>G	8452	CUL3	[]
4658	NM_017415.2(KLHL3):c.232A>G (p.Met78Val)	26249	KLHL3	['AGCCTGCAGCCCCTACTTCTGTGCGDTGTTCACAGGTATGGTGAGTGGCCA']
	NM_017415.2(KLHL3):c.926A>G (p.Gln309Arg)	26249	KLHL3	[]
4659	NM_005763.3(AASS):c.874A>G (p.Ile292Val)	I0157	AASS	['CTCACATCAGTATTAAAACGACTTAYGTAGCGCTCCGGATGTTTGTCATAC']
4660	NM_000203.4(IDUA):c.1874A>G (p.Tyr625Cys)	3425	IDUA	['TCCTACCGAGTTCGAGCCCTGGACTRCTGGGCCCGACCAGGCCCCTTCTCG']
4661	NM_000546.5(TP53):c.736A>G (p.Met246Val)	7157	TP53	['GTGTAACAGTTCCTGCATGGGCGGCVTGAACCGGAGGCCCATCCTCACCAT']
4662	NM_194442.2(LBR):c.1639A>G (p.Asn547Asp)	3930	LBR	['GCCATGATGAGATCACCCAAGTAATYGGGGTGGCGAACAAAGCCCCACCAT']
4663	NM_000090.3(COL3A1):c.2284-2A>G (p.Gly762_Lys779del)	1281	COL3A1	['ATTAAAAAAATATTTTTATTTCCTCTRGGGTCCTACTGGTCCTATTGGTCCT']
4664	NM_000090.3(COL3A1):c.997-2A>G (p.Gly333_Lys350del+)	1281	COL3A1	['TCTTGAAATTGTATTTAATTTTTTCRGGGCCCTCCTGGTCCTCCTGGAACT']
4665	NM_000090.3(COL3A1):c.3418-2A>G (p.Arg1139_Gly1140insVSSTERYYRSTCFRCLHFRKIFWHCDVMILSW)	1281	COL3A1	['CATTGTGATGTCATGATACTTTCTTDGGGACCTGTTGGACCCAGTGGACCT']
4666	NM_000090.3(COL3A1):c.997-10A>G (p.Pro332_Gly333insFFQ)	1281	COL3A1	['AAAAGAGCTCTTGAAATTGTATTTARTTTTTTCAGGGCCCTCCTGGTCCTC']
4667	NM_000090.3(COL3A1):c.1870-2A>G (p.Gly624_Gln641del)	1281	COL3A1	['ACAGAGTGTATCATTATACTTTTCTDGGGGCCTGGTGGTGACAAAGGAGAC']
4668	NM_000090.3(COL3A1):c.3202-2A>G (p.Gly1068_Pro1085del)	1281	COL3A1	['CTTCTCAATTGAATGTTTTCATCTTRGGGCCCTGCTGGCCCTGCTGGTGCT']
4669	NM_000090.3(COL3A1):c.1762-2A>G (p.Gly588_Gln605del)	1281	COL3A1	['AGTAAATACCGACCACTTCTTCTTTRGGGTGCTCCTGGTAAGAATGGAGAA']
4670	NM_003611.2(OFD1):c.935+706A>G	8481	OFD1	['CTTTTTGGCAATAATGAAAAGGTAARTTGATCAAGAGAGAGGAAATAGGCA']
4671	NM_014740.3(EIF4A3):c.809A>G (p.Asp270Gly)	9775	EIF4A3	['AGTGATGGTCAGTGTGTCGTAGAGGYCACACAGAGTGTCAAATTTCCACTC']
4672	NM_001040436.2(YARS2):c.1303A>G (p.Ser435Gly)	51067	YARS2	['TTTGTTACTTGTTGGTGATTTATGCYGACTCCGCCTTCTGTTATCATTCGA']
4673	NM_000277.1(PAH):c.1157A>G (p.Tyr386Cys)	5053	PAH	['ACTGTCACGGAGTTCCAGCCCCTCTRTTACGTGGCAGAGAGTTTTAATGAT']
4674	NM_000277.1(PAH):c.812A>G (p.His271Arg)	5053	PAH	['TTCCACTGCACACAGTACATCAGACDTGGATCCAAGCCCATGTATACCCCC']
4675	NM_004820.3(CYP7B1):c.889A>G (p.Thr297Ala)	9420	CYP7B1	['ATTGCCCAGAACATAGTTGGAATAGYGTTTGCCACAGAGGCCCAGAGAAAG']

【表７－７５】

4676	NM_024301.4(FKRP):c.1A>G (p.Met1Val)	79147	FKRP	['CCAGCTAGCCCCAGACTTCGGCCCCRTGCG GCTCACCCGCTGCCAGGCTGC']
4677	NM_001955.4(EDN1):c.271A>G (p.Lys91Glu)	1906	EDN1	['GTATGGACTTGGAAGCCCTAGGTCCRAGA GAGCCTTGGAGAATTTACTTCC']
4678	NM_198947.3(FAM111B):c.1879A >G (p.Arg627Gly)	374393	FAM111B	['TAATGTATACTGTATGTTTACCCAARGAAG TTTCCTATCAGAGGTTTGGAA']
4679	NM_001282227.1(CECR1):c.1232 A>G (p.Tyr411Cys)	51816	CECR1	['GCCCATGAAGACCTCATAGAAATCAYAGG ACAAGCCTTTGGCACCAAACAT']
4680	NM_033419.4(PGAP3):c.914A>G (p.Asp305Gly)	93210	PGAP3	['TGATTCCTTCAGCAGGTACAGGCTGYCATC TTCCAGAAAGCTGTGGGCCAA']
4681	NM_007294.3(BRCA1):c.135-2A>G	672	BRCA1	['TGTTCTTTCTTTCTTTATAATTTATRGATTT TGCATGCTGAAACTTCTCAA']
4682	NM_007294.3(BRCA1):c.4676-2A>G	672	BRCA1	['AAATTAAACTTCTCCCATTCCTTTCRGAGG GAACCCCTTACCTGGAATCTG']
4683	NM_015474.3(SAMHD1):c.1153A >G (p.Met385Val)	25939	SAMHD1	['GGAAATGACAATCAAGTTTCTTACAYTGT ATCAATAATGTTGCCAACTTTG']
4684	NM_015474.3(SAMHD1):c.1411-2A>G	25939	SAMHD1	['TTTTGGAAGAGATTCATAGTCCTCCYGGAA AACACAAGACTCCCCATGTTA']
4685	NM_000097.5(CPOX):c.980A>G (p.His327Arg)	1371	CPOX	['ACCAATGCCCCGCCGTTCTCCACGAYGGG CTATAAAGAAGTAATCATCACA']
4686	NM_012338.3(TSPAN12):c.413A> G (p.Tyr138Cys)	23554	TSPAN12	['AAGCCACCGATATCTAGGTAATCCAYAAT TTGTCATCCTGGCTTTCAAAGT']
4687	NM_000406.2(GNRHR):c.94A>G (p.Thr32Ala)	2798	GNRHR	['GTCACTCGGATCTTTCCAGACAAGGYCAG AGTGGGGAGGTTGCCCTGCATC']
4688	NM_199189.2(MATR3):c.1864A> G (p.Thr622Ala)	9782	MATR3	['TGGTTCCCAGAAGACTGAGAGTTCARCCG AAGGTAAAGAACAAGAAGAGAA']
4689	NM_003181.3(T):c.512A>G (p.His171Arg)	6862	T	['CTGTGGACCCCCAACTCTCACTATGYGGAT TCGAGGCTCATACTTATGCAA']
4690	NM_000321.2(RB1):c.1927A>G (p.Lys643Glu)	5925	RB1	['AGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGRAAT CTACCTCTCTTTCACTGTTTTA']
4691	NM_002234.3(KCNA5):c.143A>G (p.Glu48Gly)	3741	KCNA5	['GCTGGGCTCAGCGATGGGCCCAAGGRGCC GGCGCCAAAGGGGCGCGGCGCG']
4692	NM_178014.3(TUBB):c.895A>G (p.Met299Val)	203068	TUBB	['CCAGCAGGTCTTCGATGCCAAGAACRTGA TGGCTGCCTGTGACCCCCGCCA']
4693	NM_000136.2(FANCC):c.-78-2A>G	2176	FANCC	['TGCTTCTATTTGTTCCCTTTCTTACRGATTT AATGTGTGCCGACCATTTCC']
4694	NM_000546.5(TP53):c.488A>G (p.Tyr163Cys)	7157	TP53	['CTCCGTCATGTGCTGTGACTGCTTGYAGAT GGCCATGGCGCGGACGCGGGT']
4695	NM_000546.5(TP53):c.659A>G (p.Tyr220Cys)	7157	TP53	['TTTCGACATAGTGTGGTGGTGCCCTVTGAG CCGCCTGAGGTCTGGTTTGCA']
4696	NM_000546.5(TP53):c.701A>G (p.Tyr234Cys)	7157	TP53	['GGCTCTGACTGTACCACCATCCACTRCAAC TACATGTGTAACAGTTCCTGC']
4697	NM_002878.3(RAD51D):c.1A>G (p.Met1Val)	-1	-	['CACAGTCCGACCCTGAGCACGCCCAYGTT CCCCGCAGGCCGGAACAGCCCC']

【表７－７６】

4698	NM_058216.2(RAD51C):c.706-2A>G	5889	RAD51C	['ATCTAATATTATCTCTTCTGTATTTRGGTTCGACTAGTGATAGTGGATGGT']
4699	NM_015713.4(RRM2B):c.556A>G (p.Arg186Gly)	50484	RRM2B	['TCTACAGCAGCAAAGGCCACCACTCYTTCCCCTGGGAGACATAAAATCGTT']
4700	NM_015713.4(RRM2B):c.581A>G (p.Glu194Gly)	50484	RRM2B	['AAAAGATCCTGAGAAGAAAACTCCTYCTACAGCAGCAAAGGCCACCACTCT']
4701	NM_000219.5(KCNE1):c.242A>G (p.Tyr81Cys)	3753	KCNE1	['CACTCGAACGACCCATTCAACGTCTDCATCGAGTCCGATGCCTGGCAAGAG']
4702	NM_000271.4(NPC1):c.1832A>G (p.Asp611Gly)	4864	NPC1	['TTCACTGCTGAACGAAGTATTGAAGRTGAACTAAATCGTGAAAGTGACAGT']
4703	NM_000257.3(MYH7):c.1952A>G (p.His651Arg)	4625	MYH7	['CTGGGGCTGTGTCCCACTCACCCTGYGCAGAGCTGACACAGTCTGAAAGGA']
4704	NM_000540.2(RYR1):c.7043A>G (p.Glu2348Gly)	6261	RYR1	['GGGTGGCCAGGCGAGAGCGTGGAGGRGAACGCCAATGTGGTGGTGCGGCTG']
4705	NM_058216.2(RAD51C):c.1027-2A>G	5889	RAD51C	['TTTGTATATATATTTTTTATCTTTCRGCCTCAGGGATTTAGAGATACTGTT']
4706	NM_130838.1(UBE3A):c.1694-2A>G	7337	UBE3A	['TGTATTTTTAAAAATCATTTCTTATRGGTATGTTCACATACGATGAATCTA']
4707	NM_022168.3(IFIH1):c.1009A>G (p.Arg337Gly)	64135	IFIH1	['TCCTTGGCAATGTAAACAGCCACTCYGGTTTTTCCACTCCCTGTAGGGAGG']
4708	NM_022068.3(PIEZO2):c.2134A>G (p.Met712Val)	63895	PIEZO2	['GCCACACAGAACAGGAACAGCACCAYGTAGATGATTTTGTACATTACGATT']
4709	NM_001164342.2(ZBTB20):c.1787A>G (p.His596Arg)	26137	ZBTB20	['ACCGCCAAACAGAACTACGTCAAGCRCATGTTCGTACACACAGGTGAGTGT']
4710	NM_001128159.2(VPS53):c.2084A>G (p.Gln695Arg)	55275	VPS53	['TGCCTGATACTACGTCCATCTCACCYGTTCTGCTCCCACCATGCTAATTGG']
4711	NM_003108.3(SOX11):c.347A>G (p.Tyr116Cys)	6664	SOX11	['AAGCACATGGCCGACTACCCCGACTRCAAGTACCGGCCCCGGAAAAAGCCC']
4712	NM_020435.3(GJC2):c.-170A>G	57165	GJC2	['TTCAGACCCTGAGGCCGAGGGGGGARCAATGGGGCCCTTGAGGGCCCCTCC']
4713	NM_004817.3(TJP2):c.1992-2A>G	9414	TJP2	['GATTTACTTCCCGTGGTTTCTTCTCRGAGCTGAACAAATGGCCAGTGTTCA']
4714	NM_017565.3(FAM20A):c.720-2A>G	-1	-	['GGTGTCTCCTCATCTCGCTGCTGTCYGGAAGGAAGGAAGGAATCACGCCCT']
4715	NM_002764.3(PRPS1):c.343A>G (p.Met115Val)	5631	PRPS1	['AATCTCAGCCAAGCTTGTTGCAAATRTGCTATCTGTAGCAGGTGCAGATCA']
4716	NM_000216.2(ANOS1):c.1A>G (p.Met1Val)	3730	ANOS1	['TCGCCCTCGCCCTCGACCCGCAGCCRTGGTGCCCGGGGTGCCCGGCGCGGT']
4717	NM_031229.2(RBCK1):c.1160A>G (p.Asn387Ser)	10616	RBCK1	['TGGTGCTTCTTTGAGGATGATGTCARTGAGTTCACCTGCCCTGTGTGTTTC']
4718	NM_015599.2(PGM3):c.737A>G (p.Asn246Ser)	5238	PGM3	['CACAAAGTCAGCTCCACATAAATGAYTGAGTTTGCCCTTGGACCCATCATT']
4719	NM_015599.2(PGM3):c.1352A>G (p.Gln451Arg)	5238	PGM3	['TTTCTCTCACACCTGAACTTTAAGTYGTCTGTTTGGAAGATCTGTATAGAG']

【表７－７７】

4720	NM_000535.5(PMS2):c.904-2A>G	5395	PMS2	['CTTTTCTACTCCTTGTATTTTGTGCRGGTCTGCAGACTCGTGAATGAGGTC']
4721	NM_000546.5(TP53):c.358A>G (p.Lys120Glu)	7157	TP53	['GGGCTTCTTGCATTCTGGGACAGCCDAGTCTGTGACTTGCACGGTCAGTTG']
4722	NM_000546.5(TP53):c.842A>G (p.Asp281Gly)	7157	TP53	['CGTGTTTGTGCCTGTCCTGGGAGAGDCCGGCGCACAGAGGAAGAGAATCTC']
4723	NM_001128425.1(MUTYH):c.1187-2A>G	4595	MUTYH	['CCCCTGCCTGGCTGCCCTCCCTCTCRGGTCTGCTGGCAGGACTGTGGGAGT']
4724	NM_000546.5(TP53):c.1101-2A>G	7157	TP53	['TCTCCTCCCTGCTTCTGTCTCCTACRGCCACCTGAAGTCCAAAAAGGGTCA']
4725	NM_000314.6(PTEN):c.493-2A>G	5728	PTEN	['GGCTTCTCTTTTTTTTCTGTCCACCRGGGAGTAACTATTCCCAGTCAGAGG']
4726	NM_000051.3(ATM):c.3994-2A>G	472	ATM	['ATATATTTTAATTTTGTGCCCTTGCRGATTGATCACTTATTCATTAGTAAT']
4727	NM_000314.6(PTEN):c.403A>G (p.Ile135Val)	5728	PTEN	['TGGAAAGGGACGAACTGGTGTAATGRTATGTGCATATTTATTACATCGGGG']
4728	NM_000249.3(MLH1):c.117-2A>G	4292	MLH1	['TAAATTATTTTCTGTTTGATTTGCCDGTTTAGATGCAAAATCCACAAGTAT']
4729	NM_025150.4(TARS2):c.695+3A>G	80222	TARS2	['GGTCCAACAGCAACAGTATATGGGTRAGAGTTGTCAAGATTAAGGCAAACA']
4730	NM_206933.2(USH2A):c.10544A>G (p.Asp3515Gly)	7399	USH2A	['TGGACCAAAATAGACAATCTTGAAGVTACAATTGTCTTAAACTGGAGAAAA']
4731	NM_000834.3(GRIN2B):c.1238A>G (p.Glu413Gly)	2904	GRIN2B	['CATCTGAGCATTGTGACCCTGGAGGRGGCACCATTTGTCATTGTGGAAAGT']
4732	NM_004830.3(MED23):c.3638A>G (p.His1213Arg)	9439	MED23	['TGTAGCTATACGTTAGCTCTTGCACRTGCTGTGTGGCACCATTCTAGCATC']
4733	NM_003159.2(CDKL5):c.125A>G (p.Lys42Arg)	6792	CDKL5	['GAAACACATGAAATTGTGGCGATCARGAAATTCAAGGACAGTGAAGGTAGA']
4734	NM_003159.2(CDKL5):c.380A>G (p.His127Arg)	6792	CDKL5	['CTAATCAAGGCTATTCACTGGTGCCRTAAGAATGATATTGTCCATCGAGGT']
4735	NM_003159.2(CDKL5):c.578A>G (p.Asp193Gly)	6792	CDKL5	['AGCGCTCCCTATGGAAAGTCCGTGGRCATGTGGTCGGTGGGCTGTATTCTT']
4736	NM_198282.3(TMEM173):c.461A>G (p.Asn154Ser)	340061	TMEM173	['TGACCATGCCAGCCCATGGGCCACGYTGAAATTCCCTTTTTCACACACTGC']
4737	NM_032018.6(SPRTN):c.350A>G (p.Tyr117Cys)	83932	SPRTN	['CTCCTGCATGAAATGATACATGCCTRTTTATTTGTCACTAATAACGACAAA']
4738	NM_001759.3(CCND2):c.838A>G (p.Thr280Ala)	894	CCND2	['GGAGGATGAACTGGACCAAGCCAGCRCCCCTACAGACGTGCGGGATATCGA']
4739	NM_007315.3(STAT1):c.854A>G (p.Gln285Arg)	6772	STAT1	['AGGGTCATGTTCGTAGGTGTATTTCYGTTCCAATTCCTCCAACTTTTTAAG']
4740	NM_139276.2(STAT3):c.1175A>G (p.Lys392Arg)	6774	STAT3	['GTTGGATTCTTCCATGTTCATCACTYTTGTGTTTGTGCCCAGAATGTTAAA']
4741	NM_001037811.2(HSD17B10):c.257A>G (p.Asp86Gly)	3028	HSD17B10	['GATGCCTGCACAGTTGACAGCTACAYCCACACGGCCAAACTTTCCTTTTGC']

【表７－７８】

4742	NM_005726.5(TSFM):c.57+4A>G	10102	TSFM	['CGCGCGGACCGGGAGCTACCCGGTGRGAAGTCCTGGTGCTGGTACCGACCT']
4743	NM_000166.5(GJB1):c.580A>G (p.Met194Val)	2705	GJB1	['CGAGAAAACCGTCTTCACCGTCTTCRTGCTAGCTGCCTCTGGCATCTGCAT']
4744	NM_001077494.3(NFKB2):c.2594A>G (p.Asp865Gly)	4791	NFKB2	['TTACCCCCAGCAGAGGTGAAGGAAGRCAGTGCGTACGGGAGCCAGTCAGTG']
4745	NC_012920.1:m.5559A>G	4578	MT-TW	['TGTTACAGAAATTAAGTATTGCAACYTACTGAGGGCTTTGAAGGCTCTTGG']
4746	NC_012920.1:m.13514A>G	4540	MT-ND5	['TTCCTCACAGGTTTCTACTCCAAAGRCCACATCATCGAAACCGCAAACATA']
4747	NM_007315.3(STAT1):c.2018A>G (p.Lys673Arg)	6772	STAT1	['GTAATACTTTCCAAAGGCATGGTCTYTGTCAATATTTGGATACAGATACTT']
4748	NM_007315.3(STAT1):c.1909A>G (p.Lys637Glu)	6772	STAT1	['GGGAAAGTAACAGCAGAAAGTTCTTYCTTCGTGTAGGGTTCAACCGCATGG']
4749	NM_000060.3(BTD):c.683A>G (p.Asp228Gly)	686	BTD	['GCATTCGATGTTCCTCTTAAAGTGGRTCTCATCACCTTTGATACCCCCTTT']
4750	NM_004992.3(MECP2):c.27-2A>G	4204	MECP2	['TACTTACATACTTGTTTAACACTTCRGGGAAGAAAAGTCAGAAGACCAGGA']
4751	NM_004992.3(MECP2):c.378-2A>G	4204	MECP2	['CTTGTGTCTTTCTGTTTGTCCCCACNGTCCCCAGGGAAAAGCCTTTCGCTC']
4752	NM_003159.2(CDKL5):c.100-2A>G	6792	CDKL5	['TTTCCTTCTGCTTCTTTTCCCTTGCRGGAAACACATGAAATTGTGGCGATC']
4753	NM_003159.2(CDKL5):c.464-2A>G	6792	CDKL5	['ACAACTTTGGACTTTGCTATCTTTCRGGTTTTGCTCGTAATCTGTCAGAAG']
4754	NM_003159.2(CDKL5):c.978-2A>G	6792	CDKL5	['GATATACTTCTTTTGTTTTTAACATRGAAACCAAGCCGGCAAAAGTACTGC']
4755	NM_032492.3(JAGN1):c.485A>G (p.Gln162Arg)	84522	JAGN1	['TTGGCAGTGCAAGTGCATGCCTGGCRGTTGTACTACAGCAAGAAGCTCCTA']
4756	NM_178517.3(PIGW):c.499A>G (p.Met167Val)	284098	PIGW	['AACTGAGCTCTATGGGACAGGAGCARTGGATTTTGGAGTAGGTGGCTTTGT']
4757	NM_004387.3(NKX2-5):c.461A>G (p.Glu154Gly)	1482	NKX2-5	['TCGCAGGCGCAGGTCTATGAGCTGGRGCGGCGCTTCAAGCAGCAGCGGTAC']
4758	NM_005859.4(PURA):c.289A>G (p.Lys97Glu)	5813	PURA	['CGCCGAGGTGGGCGCGGGCGGCAACRAGAGCCGCCTTACTCTCTCCATGTC']
4759	NM_004046.5(ATP5A1):c.962A>G (p.Tyr321Cys)	498	ATP5A1	['GCGGAGCAACAGAGACATCTGACGGHAAGCAACAGCCTATGGTACAGAATA']
4760	NM_000038.5(APC):c.1744-2A>G	324	APC	['GATGACCCATATTCTGTTTCTTACTRGGAATCAACCCTCAAAAGCGTATTG']
4761	NM_000751.2(CHRND):c.1319A>G (p.Asp440Gly)	1144	CHRND	['TTCAATGAGCTGAAGCCAGCTGTGGWTGGGGCAAACTTCATTGTTAACCAC']
4762	NM_130466.3(UBE3B):c.1A>G (p.Met1Val)	89910	UBE3B	['GCAGGGTTTGTGCAAGTTTGCAAACRTGTTCACCCTGTCTCAGACCTCGAG']
4763	NM_003159.2(CDKL5):c.211A>G (p.Asn71Asp)	6792	CDKL5	['AATGCTTCGGACTCTCAAGCAGGAARACATTGTGGAGTTGAAGGAAGCATT']

【表７－７９】

4764	NM_003159.2(CDKL5):c.404-2A>G	6792	CDKL5	['AATTTTTTTTTTATCTTGACACTCCRGATATAAAACCAGAAAATCTCTTAA']
4765	NM_003159.2(CDKL5):c.449A>G (p.Lys150Arg)	6792	CDKL5	['TTAATCAGCCACAATGATGTCCTAARACTGTGTGACTTTGGTAAGTTAAAA']
4766	NM_001813.2(CENPE):c.4063A>G (p.Lys1355Glu)	1062	CENPE	['ACTTCAAGGGCTTCTTTTATCGTTTYAAGGTTGTCTCTTTCCTTGGTTAGA']
4767	NM_023073.3(C5orf42):c.3290-2A>G	65250	C5orf42	['ATTTTACCAAATTTTTGTATTTGATRGATCCCATTGAAGAGGAAGATGCAA']
4768	NM_002977.3(SCN9A):c.2215A>G (p.Ile739Val)	-1	-	['GTGTTTAAAACTATGCAAATGGTAAYTGCAAGATCTACAAAAGGATCCATT']
4769	NM_002354.2(EPCAM):c.556-14A>G	4072	EPCAM	['TATTAGTATTAATTTGTATTATTCANTTTTTTTCCCCAGTATGAGAATAAT']
4770	NM_002354.2(EPCAM):c.492-2A>G	4072	EPCAM	['TTAATACAGATTTTAAATTCTTTACRGTGCACTTCAGAAGGAGATCACAAC']
4771	NM_000053.3(ATP7B):c.122A>G (p.Asn41Ser)	540	ATP7B	['ATCCAGACCACCTTCATAGCCAACAYTGTCAAAAGCAAAACTCTTCTTCAT']
4772	NM_022455.4(NSD1):c.4498-3A>G	64324	NSD1	['ATGTGGGACATTATTTTTTCTTTGCRAGGGAGAACTAATGCCTCACAGGAC']
4773	NM_022455.4(NSD1):c.5893-2A>G	64324	NSD1	['TAAGTCAGGAGGTATTTCTTGTTCTRGGGTGAATTTGTGAATGAGTATGTG']
4774	NM_022455.4(NSD1):c.6059A>G (p.Asn2020Ser)	64324	NSD1	['AAAGGAAACTATGCTCGGTTCATGARTCATTGCTGCCAGCCCAACTGTGAA']
4775	NM_022455.4(NSD1):c.6356A>G (p.Asp2119Gly)	64324	NSD1	['GGTGAAATCACAAAGGAGCGAGAAGRTGAGTGTTTTAGTTGTGGGGATGCT']
4776	NM_133433.3(NIPBL):c.737A>G (p.Asp246Gly)	25836	NIPBL	['AATCCTAGACATGGTTCAAGTGAGGRCTACCTACACATGGTGCACAGGCTA']
4777	NM_133433.3(NIPBL):c.5428-2A>G	25836	NIPBL	['TGTTTTTTTCTCTTCATTTTTCTTTRGCTTGATATGCAACGAGGTGTTCAT']
4778	NM_005249.4(FOXG1):c.757A>G (p.Asn253Asp)	2290	FOXG1	['CCACTACGACGACCCGGGCAAGGGCRACTACTGGATGCTGGACCCGTCGAG']
4779	NM_004380.2(CREBBP):c.4508A>G (p.Tyr1503Cys)	1387	CREBBP	['AAGCCAAAACGACTGCAGGAGTGGTRCAAAAAGATGCTGGACAAGGCGTTT']
4780	NM_004380.2(CREBBP):c.3983-2A>G	1387	CREBBP	['CTCACCTGCTCCTTCTGGACTTCCTRGGGCTGCAGACCACAAGACTGGGAA']
4781	NM_001083962.1(TCF4):c.991-2A>G	6925	TCF4	['TTTTTTTTTTCTCCTTATTGTTTTARGATCTATTCTCCAGATCACACTAAC']
4782	NM_178151.2(DCX):c.1027-2A>G	1641	DCX	['TTAACTTTGTCTCTTCTCTTCTTATRGGACCTGTACCTGCCTCTGTCCTTG']
4783	NM_178151.2(DCX):c.607A>G (p.Thr203Ala)	1641	DCX	['TGTGCGTGTGCTTCTGAACAAGAAGRCAGCCCACTCTTTTGAGCAAGTCCT']
4784	NM_178151.2(DCX):c.538A>G (p.Lys180Glu)	1641	DCX	['GGAGAACAAGGACTTTGTGCGCCCCRAGCTGGTTACCATCATCCGCAGTGG']
4785	NM_178151.2(DCX):c.520A>G (p.Lys174Glu)	1641	DCX	['CAACAGTGCACAGGCCAGGGAGAACRAGGACTTTGTGCGCCCCAAGCTGGT']

【表７－８０】

4786	NM_178151.2(DCX):c.451A>G (p.Lys151Glu)	1641	DCX	['CAATCCCAACTGGTCTGTCAACGTADAAA CATCTGCCAATATGAAAGCCCC']
4787	NM_178151.2(DCX):c.413A>G (p.Tyr138Cys)	1641	DCX	['GACAACTTCTTTAAAAAGGTGGAGTRCAC CAAGAATGTCAATCCCAACTGG']
4788	NM_000252.2(MTM1):c.301A>G (p.Ser101Gly)	4534	MTM1	['AATTGAAAAAATGGGAGGCGCGACARGTA GAGGAGAAAATTCCTATGGTCT']
4789	NM_000252.2(MTM1):c.343-2A>G	4534	MTM1	['ACTGTCATACTTCTCCTTTGCCCCCRGGAC ATGAGAAACCTGAGGTTCGCT']
4790	NM_000252.2(MTM1):c.529-2A>G	4534	MTM1	['GACTTGAATTTCTTTTTTTCCTCACRGGGCT TGCCCAATCACCATTGGAGA']
4791	NM_000252.2(MTM1):c.550A>G (p.Arg184Gly)	4534	MTM1	['ACAGGGCTTGCCCAATCACCATTGGRGAA TAACTTTTATTAATAAGTGCTA']
4792	NM_000252.2(MTM1):c.629A>G (p.Asp210Gly)	4534	MTM1	['TTGGTGGTTCCGTATCGTGCCTCAGRTGAT GACCTCCGGAGAGTTGCAACT']
4793	NM_000252.2(MTM1):c.1406A>G (p.His469Arg)	4534	MTM1	['CAATTTTTGATTATAATTTTGGATCRTCTGT ATAGTTGCCGATTTGGTACT']
4794	NM_003159.2(CDKL5):c.62A>G (p.Glu21Gly)	6792	CDKL5	['TTTGAGATCCTTGGGGTTGTAGGTGRAGGT AAGTTGGAATTTTTGCGTTCC']
4795	NM_006306.3(SMC1A):c.3254A>G (p.Tyr1085Cys)	8243	SMC1A	['GTGGCTACCAACATTGATGAGATCTRTAA GGCCCTGTCCCGCAATAGCAGT']
4796	NM_006306.3(SMC1A):c.616-2A>G	8243	SMC1A	['CCTGCCACCATTCCCCTGTTTGCACRGGCT GACCGGTACCAGCGCCTGAAG']
4797	NM_003937.2(KYNU):c.592A>G (p.Thr198Ala)	8942	KYNU	['GCCTAACTTGATTTAGGGGGAAGAARCCT TAAGAATAGAGGATATCCTTGA']
4798	NM_005343.2(HRAS):c.182A>G (p.Gln61Arg)	-1	-	['TTGGACATCCTGGATACCGCCGGCCNGGA GGAGTACAGCGCCATGCGGGAC']
4799	NM_012275.2(IL36RN):c.104A>G (p.Lys35Arg)	26525	IL36RN	['CTAGCTGGAGGGCTGCATGCAGGGARGGT CATTAAAGGTTGGTGATGAAAC']
4800	NM_152296.4(ATP1A3):c.2318A>G (p.Asn773Ser)	478	ATP1A3	['TCCATTGCCTACACCCTGACCAGCADTATC CCGGAGATCACGCCCTTCCTG']
4801	NM_000891.2(KCNJ2):c.953A>G (p.Asn318Ser)	3759	KCNJ2	['CAGTGCCGTAGCTCTTATCTAGCAARTGAA ATCCTGTGGGGCCACCGCTAT']
4802	NM_017909.3(RMND1):c.713A>G (p.Asn238Ser)	55005	RMND1	['TACACTTACAGTTTTGTCTTTCACAYTCCA AAACACAGCAGCTCCTTCCCT']
4803	NM_005154.4(USP8):c.2150A>G (p.Tyr717Cys)	9101	USP8	['GAACCTTCCAAACTGAAGCGCTCCTDCTCC TCCCCAGATATAACCCAGGCT']
4804	NM_014191.3(SCN8A):c.667A>G (p.Arg223Gly)	6334	SCN8A	['CAATGTTTCAGCTCTACGCACTTTCRGGGT ACTGAGGGCTTTGAAAACTAT']
4805	NM_021830.4(C10orf2):c.1754A>G (p.Asn585Ser)	56652	C10orf2	['CCCCAGGCAAGCCAGGAAGCAGACARTGT TCTGATCCTGCAGGACAGGAAG']
4806	NM_001164405.1(BHLHA9):c.211A>G (p.Asn71Asp)	727857	BHLHA9	['GTCCAAGGCGCGGCGCATGGCCGCCRACG TGCGGGAGCGCAAGCGCATCCT']
4807	NM_002887.3(RARS):c.5A>G (p.Asp2Gly)	5917	RARS	['GAGTGAGACGCTGATGGGAGGATGGRCGT ACTGGTGTCTGAGTGCTCCGCG']

【表７－８１】

4808	NM_002887.3(RARS):c.1A>G (p.Met1Val)	5917	RARS	['TGGCGAGTGAGACGCTGATGGGAGGRTGG ACGTACTGGTGTCTGAGTGCTC']
4809	NM_005861.3(STUB1):c.194A>G (p.Asn65Ser)	10273	STUB1	['CCGCTGGTGGCCGTGTATTACACCARCCGG GCCTTGTGCTACCTGAAGATG']
4810	NM_005211.3(CSF1R):c.2655-2A>G	1436	CSF1R	['ATGGGCATCCTCTGTCCTATCTCCCRGATA CAGCATCATGCAGGCCTGCTG']
4811	NM_032228.5(FAR1):c.1094A>G (p.Asp365Gly)	84188	FAR1	['CATAAGGCCCCAGCATTCCTGTATGRTATC TACCTCAGGATGACTGGAAGA']
4812	NM_020461.3(TUBGCP6):c.2546A>G (p.Glu849Gly)	85378	TUBGCP6	['GCCATCCCAGGCAGGCGAGTGTTGCYCTG CAGACCCAGAATCACAGCCTTG']
4813	NM_014305.3(TGDS):c.269A>G (p.Glu90Gly)	23483	TGDS	['TTTGTGAAACTGCTTTTTGAAACAGRGAAA ATAGATATAGTACTACATTTT']
4814	NM_014305.3(TGDS):c.892A>G (p.Asn298Asp)	23483	TGDS	['TCTGTTTTGTTTTCCAAGACCCACCRATGA CATGAGATACCCAATGAAGTC']
4815	NM_000118.3(ENG):c.1273-2A>G	2022	ENG	['GCTCGACAGGATATTGACCACCGCCYGCG GGGATAAAGCCAGGGAGCTGGT']
4816	NM_005360.4(MAF):c.172A>G (p.Thr58Ala)	4094	MAF	['CATCGCCGGGGGCTCGCTGTCCTCCRCCCC CATGAGCACGCCGTGCAGCTC']
4817	NM_002238.3(KCNH1):c.1399A>G (p.Ile467Val)	3756	KCNH1	['ACCTCTAGCACTTCTCTATGCCACCRTCTT CGGGAATGTGACGACTATTTT']
4818	NM_172362.2(KCNH1):c.1508A>G (p.Gln503Arg)	3756	KCNH1	['TTCGGGAATGTGACGACTATTTTCCRACAG ATGTATGCCAACACCAACAGA']
4819	NM_003392.4(WNT5A):c.257A>G (p.Tyr86Cys)	7474	WNT5A	['GGACAGAAGAAACTGTGCCACTTGTRTCA GGACCACATGCAGTACATCGGA']
4820	NM_001199252.2(SGOL1):c.67A>G (p.Lys23Glu)	-1	-	['GCCAAGTTTTTATTCCTTTTCTCTTYCATTC GCTTCTTTATGTCTTCAAGA']
4821	NM_000256.3(MYBPC3):c.2906-2A>G	4607	MYBPC3	['ACTTAGCTACCCACTCTATACCCACRGAAC GGCCACGGCTTCAGCTGCCCA']
4822	NM_000256.3(MYBPC3):c.1213A>G (p.Met405Val)	4607	MYBPC3	['GCTCAAGAATGGCCAGGAGATCCAGRTGA GCGGCAGGTGCAGCCTGGGGTG']
4823	NM_005188.3(CBL):c.1228-2A>G	867	CBL	['TGTTACTATCTTTTGCTTCTTCTGCRGGAAT CAGAAGGTCAGGGCTGTCCT']
4824	NM_000257.3(MYH7):c.5326A>G (p.Ser1776Gly)	4625	MYH7	['TTCTTCATGCGCTCCAGGTGGGCGCYGGTG TCCTGCTCCTTCTTCAGCTCC']
4825	NM_000257.3(MYH7):c.2708A>G (p.Glu903Gly)	4625	MYH7	['CAAGACAACCTGGCAGATGCTGAGGRGCG CTGTGATCAGCTGATCAAAAAC']
4826	NM_000257.3(MYH7):c.1727A>G (p.His576Arg)	4625	MYH7	['AATATCAAGGGGAAGCCTGAAGCCCRCTT CTCCCTGATCCACTATGCCGGC']
4827	NM_000257.3(MYH7):c.1496A>G (p.Glu499Gly)	4625	MYH7	['CACCACATGTTTGTGCTGGAGCAGGRGGA GTACAAGAAGGAGGGCATCGAG']
4828	NM_000257.3(MYH7):c.2539A>G (p.Lys847Glu)	4625	MYH7	['GCTGCTGAAGAGTGCAGAAAGAGAGRAGG AGATGGCCTCCATGAAGGAGGA']
4829	NM_000257.3(MYH7):c.1954A>G (p.Arg652Gly)	4625	MYH7	['CTTTCAGACTGTGTCAGCTCTGCACRGGGT GAGTGGGACACAGCCCCAGCC']

【表７－８２】

4830	NM_000257.3(MYH7):c.1157A>G (p.Tyr386Cys)	4625	MYH7	['CTTCCAGAGGCTGACAAGTCTGCCTRCCTC ATGGGGCTGAACTCAGCCGAC']
4831	NM_000501.3(ELN):c.800-2A>G	2006	ELN	['TACATTGCACTGTCCCCATCTCAACRGGTG CTGGAGCAGCCGGAGTCCTCC']
4832	NM_000117.2(EMD):c.266-2A>G	2010	EMD	['TCTGCTACCGCTGCCCCCCTTCCCARGGCT ACAATGACGACTACTATGAAG']
4833	NM_000191.2(HMGCL):c.698A>G (p.His233Arg)	3155	HMGCL	['GTGCCTCTGGCTGCCCTGGCTGTCCRCTGC CATGACACCTATGGTCAAGCC']
4834	NM_207352.3(CYP4V2):c.1393A> G (p.Arg465Gly)	285440	CYP4V2	['CTACGTGCCCTTCTCTGCTGGCCCCRGGAA CTGTATAGGTTTGTATCCATC']
4835	NM_013382.5(POMT2):c.1726-2A>G	29954	POMT2	['GTCAGCAGGGTGGTCTCTATTCCACRGGGC CTACGCTTCTCAGGGGTCAAT']
4836	NM_000169.2(GLA):c.802-2A>G	-1	-	['TTTGAATTATTTCATTCTTTTTCTCRGTTAG TGATTGGCAACTTTGGCCTC']
4837	NM_020166.4(MCCC1):c.137-2A>G	56922	MCCC1	['GTGTGATTTTCATGGTGTTTTAAACRGGAA GAAACATTACCAAGGTCCTCA']
4838	NM_006920.4(SCN1A):c.2557-2A>G	6323	SCN1A	['AATATATATTAATCTTTCATTTTCCRGCTG CGAGTTTTCAAGTTGGCAAAA']
4839	NM_000501.3(ELN):c.890-2A>G	2006	ELN	['CCTCACCCTCTGTGGCTGTGTTTTCRGGCG TTGGGACTCCAGCTGCAGCTG']
4840	NM_006306.3(SMC1A):c.2974-2A>G	8243	SMC1A	['TGACATTGCTGGGCCTGGGGCTTACRGGAT GCCCAGGCTGAGGAAGAGATC']
4841	NM_001110792.1(MECP2):c.520A >G (p.Arg174Gly)	4204	MECP2	['TGATTTTGACTTCACGGTAACTGGGRGAGG GAGCCCCTCCCGGCGAGAGCA']
4842	NM_004646.3(NPHS1):c.1756A>G (p.Arg586Gly)	4868	NPHS1	['CTTGTCCTGGGACAAGGAAGGGGAGRGGT GGGAGTGCGAGGGATCCCTCCC']
4843	NM_003002.3(SDHD):c.275A>G (p.Asp92Gly)	6392	SDHD	['TATTTGAATCCTTGCTCTGCGATGGRCTAT TCCCTGGCTGCAGCCCTCACT']
4844	NM_004793.3(LONP1):c.2353A>G (p.Arg785Gly)	9361	LONP1	['CACGCTGTTTGTGGAGACATCCCTGRGACG GCCACAGGACAAGGATGCCAA']
4845	NC_012920.1:m.4279A>G	4565	MT-TI	['TCAAACCTAAGAAATATGTCTGATARAAG AGTTACTTTGATAGAGTAAATA']
4846	NM_005633.3(SOS1):c.1430A>G (p.Gln477Arg)	6654	SOS1	['ATTTGCTGTAAATCAAATCATGGGCRGCCA AGACTTCCTGGTGCTAGCAAT']
4847	NM_000256.3(MYBPC3):c.1227-2A>G	4607	MYBPC3	['TGCCACTTCCCTGCGGCCCCCACCCRGGTA CATCTTTGAGTCCATCGGTGC']
4848	NM_002834.3(PTPN11):c.661A>G (p.Ile221Val)	5781	PTPN11	['CGATCAGCCCCTTAACACGACTCGTDTAA ATGCTGCTGAAATAGAAAGCAG']
4849	NM_000257.3(MYH7):c.4664A>G (p.Glu1555Gly)	-1	-	['TCCCAGGCCTCCCTGGAGCACGAGGRGGG CAAGATCCTCCGGGCCCAGCTG']
4850	NM_000257.3(MYH7):c.2792A>G (p.Glu931Gly)	4625	MYH7	['AACGAGAGGCTGGAGGATGAGGAGGRGA TGAATGCTGAGCTCACTGCCAAG']
4851	NM_000257.3(MYH7):c.2087A>G (p.Asn696Ser)	4625	MYH7	['CTGGTCATGCACCAGCTGCGCTGCARTGGT GTGCTGGAGGGCATCCGCATC']

【表７－８３】

4852	NM_000257.3(MYH7):c.1805A>G (p.Asn602Ser)	4625	MYH7	['CTGCAGAAGAACAAGGATCCTCTCARTGA GACTGTCGTGGGCTTGTATCAG']
4853	NM_000257.3(MYH7):c.1615A>G (p.Met539Val)	4625	MYH7	['CATGTCCATCCTGGAAGAGGAGTGCRTGTT CCCCAAGGCCACCGACATGAC']
4854	NM_000257.3(MYH7):c.1477A>G (p.Met493Val)	4625	MYH7	['GCTGCAGCAGTTCTTCAACCACCACRTGTT TGTGCTGGAGCAGGAGGAGTA']
4855	NM_000257.3(MYH7):c.1331A>G (p.Asn444Ser)	4625	MYH7	['TTCAACTGGATGGTGACGCGCATCAVTGC CACCCTGGAGACCAAGCAGCCA']
4856	NM_000257.3(MYH7):c.1315A>G (p.Met439Val)	4625	MYH7	['AGGGTGGCATTGATGCGCGTCACCAHCCA GTTGAACATCCTCTCATACACT']
4857	NM_000257.3(MYH7):c.1051A>G (p.Lys351Glu)	4625	MYH7	['TTCAGAGGAGAAAAACTCCATGTATRAGC TGACAGGCGCCATCATGCACTT']
4858	NM_000257.3(MYH7):c.789A>G (p.Ile263Met)	4625	MYH7	['CAGGAAAGTTGGCATCTGCAGACATRGAG ACCTGTGAGTGCCATGAATCTG']
4859	NM_000257.3(MYH7):c.617A>G (p.Lys206Arg)	4625	MYH7	['ATTGCAGCCATTGGGGACCGCAGCARGAA GGACCAGAGCCCGGGCAAGGTA']
4860	NM_000363.4(TNNI3):c.616A>G (p.Lys206Glu)	7137	TNNI3	['ACTGAGTGGAATGGAGGGCCGCAAGVAAA AGTTTGAGAGCTGAGCCTTCCT']
4861	NM_000363.4(TNNI3):c.547A>G (p.Lys183Glu)	7137	TNNI3	['GCAGGTGAAGAAGGAGGACACCGAGRAG GTGAGTGTGGGCTAAGGCCAGGA']
4862	NM_000169.2(GLA):c.370-2A>G	-1	-	['TGACTCTTTTCCTCCCTCTCATTTCRGGTTC ACAGCAAAGGACTGAAGCTA']
4863	NM_000051.3(ATM):c.1A>G (p.Met1Val)	472	ATM	['GATGTGTGTTCTGAAATTGTGAACCVTGAG TCTAGTACTTAATGATCTGCT']
4864	NM_000051.3(ATM):c.3154-2A>G	472	ATM	['TATTTAACCACAGTTCTTTTCCCGTRGGCT GATCCTTATTCAAAATGGGCC']
4865	NM_024675.3(PALB2):c.212-2A>G	79728	PALB2	['AGTTATATACATTTTTTTCCTCCTCRGAAC CTAAAAATAAAATATGTGTTT']
4866	NM_024675.3(PALB2):c.109-2A>G	79728	PALB2	['TTCTGGGGCTGTTTTTGTCTCCTCTRGCGTG CCCAAAGAGCTGAAAAGATT']
4867	NM_000546.5(TP53):c.709A>G (p.Met237Val)	7157	TP53	['CTGTACCACCATCCACTACAACTACRTGTG TAACAGTTCCTGCATGGGCGG']
4868	NM_000455.4(STK11):c.889A>G (p.Arg297Gly)	6794	STK11	['GATGCTTGAGTACGAACCGGCCAAGRGGT TCTCCATCCGGCAGATCCGGCA']
4869	NM_017777.3(MKS1):c.1382A>G (p.Tyr461Cys)	54903	MKS1	['TCTCTGGAACTGGAGGACCTCTCCTRTGTA CGGATACCAGGATCCTTCAAG']
4870	NM_001231.4(CASQ1):c.731A>G (p.Asp244Gly)	844	CASQ1	['ATGGAAGAGCCTGTGACCATCCCAGRCAA GCCCAATAGCGAAGAGGAGATT']
4871	NM_001242896.1(DEPDC5):c.2355-2A>G (p.Arg785_Gly839del)	9681	DEPDC5	['GTATGAGCAATCATCTGTTGTTTTCRGGAG GGACGAAGATGGTGTGCAGAT']
4872	NM_001039550.1(DNAJB2):c.14A>G (p.Tyr5Cys)	3300	DNAJB2	['TGACCAGTTGCCATGGCATCCTACTRCGAG ATCCTAGACGTGCCGCGAAGT']
4873	NM_007294.3(BRCA1):c.5057A>G (p.His1686Arg)	672	BRCA1	['AATCTAATTACTGAAGAGACTACTCRTGTT GTTATGAAAACAGGTATACCA']

【表７－８４】

4874	NM_006888.4(CALM1):c.389A>G (p.Asp130Gly)	801	CALM1	['GTAGATGAAATGATCAGAGAAGCAGRTAT TGATGGAGACGGACAAGTCAAC']
4875	NM_001082538.2(TCTN1):c.342-2A>G	79600	TCTN1	['TTGTATTATTATTTTTTTAATTTTCRGGGGC GACAGCCAGTTTTGTAGTCA']
4876	NM_003000.2(SDHB):c.541-2A>G	6390	SDHB	['TCCTGCCTCTCTTTTCTCCCCATACRGGAC GGGCTCTACGAGTGCATTCTC']
4877	NM_000143.3(FH):c.700A>G (p.Thr234Ala)	2271	FH	['AGTGGAACAGCATCCTGAGTATGAGYACG TCCAATCTTGATGATCTGTGCA']
4878	NM_000038.5(APC):c.221-2A>G	324	APC	['ATAAAAACTTGTTTCTATTTTATTTRGAGC TTAACTTAGATAGCAGTAATT']
4879	NM_000314.6(PTEN):c.527A>G (p.Tyr176Cys)	5728	PTEN	['ATTCCCAGTCAGAGGCGCTATGTGTRTTAT TATAGCTACCTGTTAAAGAAT']
4880	NM_030813.5(CLPB):c.1850A>G (p.Tyr617Cys)	81570	CLPB	['CTGGTCGACGGCTACAATGTGCACTRTGGC GCCCGCTCCATCAAACATGAG']
4881	NM_030813.5(CLPB):c.1222A>G (p.Arg408Gly)	81570	CLPB	['TCCTGGAACTCGGACATGTCCAGCCHGAT GAAGCCCTGTGTGGAAACAAGC']
4882	NM_016069.9(PAM16):c.226A>G (p.Asn76Asp)	-1	-	['CTCACCCGTCCCCTCTCCTCTGCAGRACTA TGAACACTTATTTAAGGTGAA']
4883	NM_058163.1(TSR2):c.191A>G (p.Glu64Gly)	90121	TSR2	['TACTTAGCTGACTTGGAGCTAGATGRGGTG GAAGACTTCCTTGGAGAGCTG']
4884	NM_001031.4(RPS28):c.1A>G (p.Met1Val)	6234	RPS28	['ATAGGCTGCACACGGCTGGTGTCCAYGAT GGCGGCGCGGCGGCGGTCTGGC']
4885	NM_005957.4(MTHFR):c.1114A>G (p.Lys372Glu)	4524	MTHFR	['TCCCATCTTCTGGGCCTCCAGACCARAGAG TTACATCTACCGTACCCAGGA']
4886	NM_014946.3(SPAST):c.1165A>G (p.Thr389Ala)	6683	SPAST	['CTTTGGTCCACCTGGGAATGGGAAGRCAA TGCTGGTAAGGGTTCTCTTCAA']
4887	NM_000228.2(LAMB3):c.565-2A>G	3914	LAMB3	['TAAATCCATAAGGTTAAGTTGGACCYACA GAGGGAAGGGAAAGAGAAGCGC']
4888	NM_000492.3(CFTR):c.3368-2A>G	1080	CFTR	['TCATTTACGTCTTTTGTGCATCTATDGGAG AAGGAGAAGGAAGAGTTGGTA']
4889	NM_006785.3(MALT1):c.1019-2A>G	10892	MALT1	['AACACCCCCTTTCTTTTTTTTTCAARGCGA AGGACAAGGTTGCCCTTTTGA']
4890	NM_004771.3(MMP20):c.611A>G (p.His204Arg)	9313	MMP20	['GGAGAAGGCCTGGGAGGAGATACACRTTT CGACAATGCTGAGAAGTGGACT']
4891	NM_000918.3(P4HB):c.1178A>G (p.Tyr393Cys)	5034	P4HB	['CACCCTAGAACTGCTTTCTTTTCAGRTGCC CCATGGTGTGGTCACTGCAAA']
4892	NM_177405.2(CECR1):c.355A>G (p.Thr119Ala)	51816	CECR1	['TGCTCGCATCCCGCAGGCTCACCTGYTTCT CCGGCGTGGAAGAAGTAAGGC']
4893	NM_004990.3(MARS):c.1031A>G (p.Tyr344Cys)	4141	MARS	['TACCACATCATCCATGCTGACATCTRCCGC TGGTTTAACATTTCGTTTGAT']
4894	NM_025132.3(WDR19):c.407-2A>G	57728	WDR19	['TCTGTATAAAAATAATCTCTTTTTCRGGAA AACATACTAAGAGAATCACTT']
4895	NM_000314.6(PTEN):c.139A>G (p.Arg47Gly)	5728	PTEN	['TGCAGAAAGACTTGAAGGCGTATACRGGA ACAATATTGATGATGTAGTAAG']

【表７－８５】

4896	NM_000314.6(PTEN):c.182A>G (p.His61Arg)	5728	PTEN	['GTTTTAAGGTTTTTGGATTCAAAGCDTAAA AACCATTACAAGATATACAAT']
4897	NM_000314.6(PTEN):c.254-2A>G	5728	PTEN	['TATTCTGAGGTTATCTTTTTACCACRGTTG CACAATATCCTTTTGAAGACC']
4898	NM_000314.6(PTEN):c.320A>G (p.Asp107Gly)	5728	PTEN	['GAACTTATCAAACCCTTTTGTGAAGRTCTT GACCAATGGCTAAGTGAAGAT']
4899	NM_000314.6(PTEN):c.512A>G (p.Gln171Arg)	5728	PTEN	['CACCAGGGAGTAACTATTCCCAGTCRGAG GCGCTATGTGTATTATTATAGC']
4900	NM_000314.6(PTEN):c.802-2A>G	5728	PTEN	['TTTTCTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTDGGACAA AATGTTTCACTTTTGGGTA']
4901	NM_001103.3(ACTN2):c.1883A>G (p.Glu628Gly)	88	ACTN2	['ATCCGCGATCAATCCCTGCAGGAGGRGCT GGCTCGCCAGCATGCTAACGAG']
4902	NM_003159.2(CDKL5):c.-162-2A>G	6792	CDKL5	['GCTTTTAATTGTGTTTGTTTTTTTCRGGGAG TCATTTAATACTTCATGATT']
4903	NM_003159.2(CDKL5):c.91A>G (p.Arg31Gly)	6792	CDKL5	['AGCCTATGGAGTTGTACTTAAATGCRGAC ACAAGGCAAGTACATTATTTTT']
4904	NM_003159.2(CDKL5):c.458A>G (p.Asp153Gly)	6792	CDKL5	['CACAATGATGTCCTAAAACTGTGTGRCTTT GGTAAGTTAAAAAGAAATTAA']
4905	NM_003159.2(CDKL5):c.2277-2A>G	6792	CDKL5	['ATATGATAAAAATGTCTTCTCATTTRGGAA AAGTCCTGAAAATATTAGTCA']
4906	NM_021098.2(CACNA1H):c.4645A>G (p.Met1549Val)	8912	CACNA1H	['CATCGTCAGCTTCTTCGTGCTCAACRTGTT CGTGGGCGTCGTGGTCGAGAA']
4907	NM_003816.2(ADAM9):c.1396-2A>G	8754	ADAM9	['TGTTTAATTTGAATTCTATTTCACTRGTTCC TTCCAGGAGGTACTTTATGC']
4908	NM_212472.2(PRKAR1A):c.177+3A>G	5573	PRKAR1A	['AATACTTTGAGAGGTTGGAGAAGGTRAAA ATAAATGTGGGGAGATGATGAG']
4909	NM_001204830.1(LIPT1):c.535A>G (p.Thr179Ala)	-1	-	['CCGGACTACTGCCTATCACCATTGCRCTTT ATTATGTAGTACTGATGGGAC']
4910	NM_001165963.1(SCN1A):c.5264A>G (p.Asp1755Gly)	-1	-	['AACCCTGGAAGCTCAGTTAAGGGAGRCTG TGGGAACCCATCTGTTGGAATT']
4911	NM_001165963.1(SCN1A):c.3880-2A>G	-1	-	['TAATTGTTATTATTTTTGTGTGTGCRGGTTT CATTGGTCAGTTTAACAGCA']
4912	NM_001165963.1(SCN1A):c.2537A>G (p.Glu846Gly)	6323	SCN1A	['TTTATTGTGACGCTTAGCCTGGTAGRACTT GGACTCGCCAATGTGGAAGGA']
4913	NM_001165963.1(SCN1A):c.2353A>G (p.Met785Val)	6323	SCN1A	['GTCATTGGATAGTGCTCCATGGCCAHGAA AAGAGTATTTAAGACAATACAG']
4914	NM_001165963.1(SCN1A):c.1662+3A>G	6323	SCN1A	['AGAGGTACTCCTCCCCACACCAGGTRTGG CACTGCTGAGTTTACTGATGCA']
4915	NM_001165963.1(SCN1A):c.1076A>G (p.Asn359Ser)	6323	SCN1A	['TGTGTGAAAGCTGGTAGAAATCCCADTTA TGGCTACACAAGCTTTGATACC']
4916	NM_001165963.1(SCN1A):c.1048A>G (p.Met350Val)	6323	SCN1A	['TTGCAGCCAATGTCCAGAGGGATATRTGT GTGTGAAAGCTGGTAGAAATCC']
4917	NM_001165963.1(SCN1A):c.1046A>G (p.Tyr349Cys)	6323	SCN1A	['ACTTGCAGCCAATGTCCAGAGGGATRTAT GTGTGTGAAAGCTGGTAGAAAT']

【表７－８６】

4918	NM_001165963.1(SCN1A):c.433A>G (p.Met145Val)	6323	SCN1A	['CACTATTTTGACAAACTGTGTGTTTRTGACAATGAGTAACCCTCCTGATTG']
4919	NM_001165963.1(SCN1A):c.383+1A>G	6323	SCN1A	['TAGCTATTAAGATTTTGGTACATTCRTATCCTTTTTCAAGTGATTAATATT']
4920	NM_001605.2(AARS):c.2251A>G (p.Arg751Gly)	16	AARS	['TCGGCACCTGTGACAGCCACAATCCYCCGGATACCCTTGGCAATGGCTTCT']
4921	NM_000124.3(ERCC6):c.2830-2A>G	2074	ERCC6	['TATTCTCCATGCTCGCTCCCGGGCCYGCAACAGAGAGAGAGAGACCTCTCA']
4922	NM_000124.3(ERCC6):c.2599-26A>G	2074	ERCC6	['ACTGGGAATGTGTATTTGCTTTGCAVACTCCTATCCCCCACCTCCAAACAG']
4923	NM_001110556.1(FLNA):c.1829-2A>G	2316	FLNA	['ACTGAGGGGACTGGTGGCTGTTGTCRGGCTTCTCGGTGGAAGGGCCATCGC']
4924	NM_006129.4(BMP1):c.808A>G (p.Met270Val)	649	BMP1	['GGAGACCTATGACTTCGACAGCATCRTGCATTACGCTCGGAACACATTCTC']
4925	NM_001987.4(ETV6):c.1252A>G (p.Arg418Gly)	2120	ETV6	['GGAGCCAGGACAAAGGCTTTTGTTCRGGTAGCACTTCCTTTTTCTCCTTTC']
4926	NM_014423.3(AFF4):c.760A>G (p.Thr254Ala)	27125	AFF4	['GTCCAATTCAATGTTACAGAAACCCRCTGCCTATGTGCGGCCCATGGACGG']
4927	NM_002055.4(GFAP):c.1085A>G (p.Glu362Gly)	2670	GFAP	['AATGTCAAGCTGGCCCTGGACATCGRGATCGCCACCTACAGGAAGCTGCTA']
4928	NM_002055.4(GFAP):c.256A>G (p.Lys86Glu)	2670	GFAP	['TGACCGCTTTGCCAGCTACATCGAGRAGGTTCGCTTCCTGGAACAGCAAAA']
4929	NM_006017.2(PROM1):c.2077-521A>G	8842	PROM1	['ATTTGCTGTTCTTCACAGCTTTAGGRTATGTATCCAATGTTTTCTTCAGGT']
4930	NM_002755.3(MAP2K1):c.305A>G (p.Glu102Gly)	5604	MAP2K1	['ACCTTTCTCCAGCTAATTCATCTGGRGATCAAACCCGCAATCCGGAACCAG']
4931	NM_001288953.1(TTC7A):c.1715A>G (p.Lys572Arg)	57217	TTC7A	['CGTCCCCACAGCCTGATGTTCACCARGGTGAAGCTGGAGCAGGTGCTGAAA']
4932	NM_016218.2(POLK):c.181A>G (p.Asn61Asp)	51426	POLK	['TGAGCTCAAGAAAGAAAAGCAAGTCRACCAACGAATTGAAAATATGATGCA']
4933	NM_016218.2(POLK):c.1385A>G (p.Asn462Ser)	51426	POLK	['AGAACTGTTACCATTAAGTTGAAGARTGTGAATTTTGAAGTAAAAACTCGT']
4934	NM_016218.2(POLK):c.1477A>G (p.Lys493Glu)	51426	POLK	['ATTTGCCATTGCTAAGGAATTGCTARAAACAGAAATTGATGCTGATTTTCC']
4935	NM_001040431.2(COA3):c.215A>G (p.Tyr72Cys)	28958	COA3	['GGAAATCGAGTAGAAGGTGTAACCAYCTGGGGAGGTAGGTTCAGGAAACCA']
4936	NM_000891.2(KCNJ2):c.901A>G (p.Met301Val)	3759	KCNJ2	['TGAAATCGTGGTCATACTGGAAGGCRTGGTGGAAGCCACTGCCATGACGAC']
4937	NM_144499.2(GNAT1):c.386A>G (p.Asp129Gly)	2779	GNAT1	['GACATCATCCAGCGGCTGTGGAAGGRCTCCGGTATCCAGGCCTGTTTTGAG']
4938	NM_018965.3(TREM2):c.113A>G (p.Tyr38Cys)	54209	TREM2	['CAGTCCCTGCAGGTGTCTTGCCCCTRTGACTCCATGAAGCACTGGGGGAGG']
4939	NM_194277.2(FRMD7):c.556A>G (p.Met186Val)	90167	FRMD7	['ACTGGACATAGCAAGGAAGCTGGATRTGTATGGCATCAGGCCTCACCCCGC']

【表７－８７】

4940	NM_001003811.1(TEX11):c.511A>G (p.Met171Val)	56159	TEX11	['TCACTCTCAACAGTAATCTTCTCCAYGGTCAAGTCAGCCTCAGGGGAGCTC']
4941	NM_000921.4(PDE3A):c.1333A>G (p.Thr445Ala)	5139	PDE3A	['AGTTTCTTCCACTTGGACCACCACCRCCTCGGCCACAGGTCTACCCACCTT']
4942	NM_000033.3(ABCD1):c.887A>G (p.Tyr296Cys)	215	ABCD1	['GCCAACTCGGAGGAGATCGCCTTCTRTGGGGGCCATGAGGTGGGGCAGGTT']
4943	NM_000169.2(GLA):c.137A>G (p.His46Arg)	-1	-	['AGGACGCCTACCATGGGCTGGCTGCDCTGGGAGCGCTTCATGTGCAACCTT']
4944	NM_000033.3(ABCD1):c.1992-2A>G	215	ABCD1	['CCCTGACCCTGTCCCTCTCCTGGCCRGGAAATACCACACACACTTGCTACA']
4945	NM_000182.4(HADHA):c.919-2A>G	3030	HADHA	['TTGCTCAATTCCAGTCTTTACCACCYAAAAAACATATAAAGCACTTGCTCA']
4946	NM_000159.3(GCDH):c.1213A>G (p.Met405Val)	2639	GCDH	['CGAGTATCACGTGATCCGGCACGCCRTGAACCTGGAGGCCGTGAACACCTA']
4947	NM_004006.2(DMD):c.1150-2A>G	1756	DMD	['ACAATTGTTAACTTCCTTCTTTGTCRGGGGTACATGATGGATTTGACAGCC']
4948	NM_019109.4(ALG1):c.1188-2A>G	56052	ALG1	['CTCAGGCTCCCTTGGTTCTCTCTGCRGTTTACATGAGCTGGTGAAACATGA']
4949	NM_004463.2(FGD1):c.2016-2A>G	2245	FGD1	['TCTTTCTTTTTTATTCCCCACCCCARGGACTGAGGAGGAGAAGAAAGACTG']
4950	NM_198525.2(KIF7):c.2981A>G (p.Gln994Arg)	374654	KIF7	['CTGCTGCTGGCTCTGGGCGCTGCCCYGCCGCAGCTGCCCGCTCTTCTCGGA']
4951	NM_020366.3(RPGRIP1):c.3749-2A>G	57096	RPGRIP1	['ATGCTGTTTTTTTCCCTTTCCCAACRGTTGTTAGCCCTGAAGATCTGGCTA']
4952	NM_003494.3(DYSF):c.3041A>G (p.Tyr1014Cys)	8291	DYSF	['GTTCCCCCTCCCCCAGGCTGGGAGTRTAGCATCACCATCCCCCCGGAGCGG']
4953	NM_003494.3(DYSF):c.3349-2A>G	8291	DYSF	['CTGCCATAACCAGCTTCGTGTCTCCRGGGCGGCGTGATGGATGACAAGAGT']
4954	NM_004006.2(DMD):c.4675-2A>G	1756	DMD	['ATTACATTTCATTATAATTCTTTTCRGGTAACAGAAAGAAAGCAACAGTTG']
4955	NM_000169.2(GLA):c.620A>G (p.Tyr207Cys)	-1	-	['GTGTACTCCTGTGAGTGGCCTCTTTRTATGTGGCCCTTTCAAAAGGTGAGA']
4956	NM_022124.5(CDH23):c.146-2A>G	-1	-	['CTCTGCTCTCTCCCTTGGCTACTCCRGGTTCTTCTGTGACCCAGTTGCTGG']
4957	NM_000169.2(GLA):c.801+3A>G	-1	-	['GGGGTTGGAATGACCCAGATATGGTRAAAACTTGAGCCCTCCTTGTTCAAG']
4958	NM_000019.3(ACAT1):c.473A>G (p.Asn158Ser)	38	ACAT1	['GCAGGTGGGATGGAGAGCATGTCCARTGTTCCATATGTAATGAACAGAGGA']
4959	NM_000553.4(WRN):c.561A>G (p.Lys187=)	7486	WRN	['GTCTGGTTAAACACCTCTTAGGTAARCAGCTCCTGAAAGACAAGTCTATCC']
4960	NM_000050.4(ASS1):c.421-2A>G	445	ASS1	['GGCTCTGACCCCTTGTCCTATGTCCDGGTCATTGCTCCCTGGAGGATGCCT']
4961	NM_020166.4(MCCC1):c.640-2A>G	56922	MCCC1	['TTCTGATCTAACAATCCTCATTCCCYAAGAGAGAAAAGATGATTATGACTA']

【表７－８８】

4962	NM_004006.2(DMD):c.10554-2A>G	1756	DMD	['TCTTTTTTACTTTTTTGATGCCAATRGGAATCTGCAAGCAGAATATGACCG']
4963	NM_017653.3(DYM):c.621-2A>G	54808	DYM	['ACAAGTTTGCTGGTGTATGGAAGACYATACAAAAAGGAAAAAAAAATCAAA']
4964	NM_001098398.1(COPA):c.728A>G (p.Asp243Gly)	-1	-	['TCAGAATCAAAGGCATGGGAGGTTGRTACCTGCCGGGGCCATTACAACAAT']
4965	NM_005045.3(RELN):c.2288A>G (p.Asp763Gly)	5649	RELN	['CGTCAGCTAATTACATCTTTCCTTGRCAGCTCACAATCCAGGTGAGTGAAG']
4966	NM_207111.3(RNF216):c.1616A>G (p.Tyr539Cys)	54476	RNF216	['TGCCATCTCTTTGATTTTCTGCTCAHAGAACTCCTGCTCTTGTTGCACAGC']
4967	NM_001035.2(RYR2):c.568A>G (p.Arg190Gly)	6262	RYR2	['CATCTTAGTTAGCGTGTCCTCTGAARGGTACTTGGTAAGTGTGGAAAGTAG']
4968	NM_001035.2(RYR2):c.11965A>G (p.Asn3989Asp)	6262	RYR2	['AAATGCAACTGCTTTACCACCAGGTVATGTTGTTAATGGAACGATTGGCAA']
4969	NM_001035.2(RYR2):c.12290A>G (p.Asn4097Ser)	6262	RYR2	['GAACCTGCGAAGGACATCGGCTTCARCGTCGCCGTCCTTCTGACAAACCTC']
4970	NM_001035.2(RYR2):c.12533A>G (p.Asn4178Ser)	6262	RYR2	['AGACAGTTCATATTTGACGTGGTCARCGAAGGCGGAGAGAAAGAGAAGATG']
4971	NM_000090.3(COL3A1):c.2338-2A>G	1281	COL3A1	['ACAGTGACATGGCTTCTCTTTTTCCRGGGTGAAGGTGGTGCCCCCGGACTT']
4972	NM_198056.2(SCN5A):c.4462A>G (p.Thr1488Ala)	6331	SCN5A	['CTTAGGGGGCCAGGACATCTTCATGRCAGAGGAGCAGAAGAAGTACTACAA']
4973	NM_198056.2(SCN5A):c.4453A>G (p.Ile1485Val)	6331	SCN5A	['CTCTTTGCACTTAGGGGGCCAGGACRTCTTCATGACAGAGGAGCAGAAGAA']
4974	NM_198056.2(SCN5A):c.2788-2A>G	6331	SCN5A	['GGTGAGCCTGACCCATTATCTCGACRGGTCCTGAATCTCTTCCTGGCCTTG']
4975	NM_198056.2(SCN5A):c.1247A>G (p.Tyr416Cys)	6331	SCN5A	['GATGGTGGCTTGGTTTTGCTCCTCAYAGGCCATTGCGACCACGGCCAGGAT']
4976	NM_004415.2(DSP):c.1141-2A>G	1832	DSP	['TTCACTGATCACTCTCATCCTTCACRGTTTTTTGAAGAGGCGCAGTCTACT']
4977	NM_000238.3(KCNH2):c.2582A>G (p.Asn861Ser)	3757	KCNH2	['TGGTCCAGCCTGGAGATCACCTTCANCCTGCGAGATGTGAGTTGGCTGCCC']
4978	NM_000238.3(KCNH2):c.1913A>G (p.Lys638Arg)	3757	KCNH2	['GTCTCTCCCAACACCAACTCAGAGARGATCTTCTCCATCTGCGTCATGCTC']
4979	NM_000238.3(KCNH2):c.1904A>G (p.Asn635Ser)	3757	KCNH2	['TTCGGCAACGTCTCTCCCAACACCADCTCAGAGAAGATCTTCTCCATCTGC']
4980	NM_000238.3(KCNH2):c.1900A>G (p.Thr634Ala)	3757	KCNH2	['GGGCTTCGGCAACGTCTCTCCCAACRCCAACTCAGAGAAGATCTTCTCCAT']
4981	NM_000238.3(KCNH2):c.1129-2A>G	3757	KCNH2	['CCACACCTCCGCCTTCCCCGGGTGCRGGTCCTGTCCCTGGGCGCCGACGTG']
4982	NM_000238.3(KCNH2):c.296A>G (p.Tyr99Cys)	3757	KCNH2	['GAGCGCAAAGTGGAAATCGCCTTCTVCCGGAAAGATGGTAGGAGCGGGCCG']
4983	NM_000238.3(KCNH2):c.133A>G (p.Asn45Asp)	3757	KCNH2	['GGAGAACTGCGCCGTCATCTACTGCDACGACGGCTTCTGCGAGCTGTGCGG']

【表７－８９】

4984	NM_001613.2(ACTA2):c.1A>G (p.Met1Val)	59	ACTA2	['AGAATCCTGTGAAGCAGCTCCAGCTRTGT GTGAAGAAGAGGACAGCACTGC']
4985	NM_000218.2(KCNQ1):c.605A>G (p.Asp202Gly)	3784	KCNQ1	['GCTCCCCCTCTCCTGCACTCCACAGRCCTC ATCGTGGTCGTGGCCTCCATG']
4986	NM_000218.2(KCNQ1):c.1033-2A>G	3784	KCNQ1	['GGGAGCCTCCTGTCCATTCCTTCCCVGGGG ATTCTTGGCTCGGGGTTTGCC']
4987	NM_000218.2(KCNQ1):c.1515-2A>G	3784	KCNQ1	['CAATCTCCTCTCCTCTCTCCACTGCRGGCT GCGGGAACACCATCGGGCCAC']
4988	NM_000218.2(KCNQ1):c.1787A>G (p.Glu596Gly)	3784	KCNQ1	['ATCGGCGCCCGCCTGAACCGAGTAGRAGA CAAGGTAGGCTCACGCGCCGGC']
4989	NM_000138.4(FBN1):c.7916A>G (p.Tyr2639Cys)	2200	FBN1	['TGCATGTGTCCCGCCGGCTTCCAGTRTGAA CAGTTCAGTGGAGGATGCCAA']
4990	NM_000138.4(FBN1):c.4337-2A>G	2200	FBN1	['TTTTGCTTTTTTCTCCCTCCCCCCARGATAT TGATGAGTGCTCCCTTCCGA']
4991	NM_000138.4(FBN1):c.3344A>G (p.Asp1115Gly)	2200	FBN1	['GGTCATTTCCATTTTGCAGATATTGRTGAG TGTCAGAGAGATCCTCTCCTA']
4992	NM_001943.3(DSG2):c.880A>G (p.Lys294Glu)	1829	DSG2	['AGTCAACGTAGAAGTTACGCGCATARAAG TGTTCGATGCAGATGAAATAGG']
4993	NM_001927.3(DES):c.1324A>G (p.Thr442Ala)	1674	DES	['TGAGCAAAGGGGTTCTGAGGTCCATRCCA AGAAGACGGTGATGATCAAGAC']
4994	NM_004572.3(PKP2):c.1171-2A>G	5318	PKP2	['AGAAATATGCATCTGCTTCTTCCCCRGGTT AACCAGCTTCGTGGCATCCTC']
4995	NM_001256850.1(TTN):c.45629-2A>G	-1	-	['GATATGAATATTTCACTCTTTTCTCRGGTC CTCCCTCACCACCCCTTGACC']
4996	NM_013254.3(TBK1):c.1201A>G (p.Lys401Glu)	29110	TBK1	['ACTTCATATTTCAGTTTCCCTCCCTRAAGT ACATCCACGTTATGATTTAGA']
4997	NM_030973.3(MED25):c.116A>G (p.Tyr39Cys)	81857	MED25	['TACTTCGAGGGGCTCCGCAAGCACTRCCTG CTCCCGGCCATCGAGTGAGTG']
4998	NM_145207.2(SPATA5):c.1883A>G (p.Asp628Gly)	166378	SPATA5	['TCTATTTTTCAGGTATCCTGGTCAGRTATA GGAGGACTGGAAAGTATCAAA']
4999	NM_000016.5(ACADM):c.329A>G (p.Glu110Gly)	34	ACADM	['ACTTTTGATGCTTGTTTAATTAGTGRAGAA TTGGCTTATGGATGTACAGGG']
5000	NM_000016.5(ACADM):c.797A>G (p.Asp266Gly)	34	ACADM	['CCTAAAGAAAATGTTTTAATTGGTGRCGG AGCTGGTTTCAAAGTTGCAATG']
5001	NM_000532.4(PCCB):c.655-2A>G	5096	PCCB	['GACTGTTCTGGAAATCTTTTATTTCRGGAC ACCTCCTACCTGTTCATCACT']
5002	NM_004453.3(ETFDH):c.929A>G (p.Tyr310Cys)	2110	ETFDH	['CATACCTATGGAGGATCTTTCCTCTRTCAT TTGAATGAAGGTGAACCCCTA']
5003	NM_000255.3(MUT):c.1885A>G (p.Arg629Gly)	4594	MUT	['AAAAATGGGACAAGATGGCCATGACRGAG GAGCAAAAGTTATTGCTACAGG']
5004	NM_000255.3(MUT):c.329A>G (p.Tyr110Cys)	4594	MUT	['TTTAGGCCCTGGACCATCCGCCAGTRTGCT GGTTTTAGTACTGTGGAAGAA']
5005	NM_000017.3(ACADS):c.1108A>G (p.Met370Val)	35	ACADS	['TCAGGCCATCCAGATCCTGGGCGGCRTGG GCTACGTGACAGAGATGCCGGC']

【表７－９０】

5006	NM_174917.4(ACSF3):c.1A>G (p.Met1Val)	197322	ACSF3	['TCCAGCTCGGCCGCCTGTCAGTGCARTGCTGCCCCATGTGGTGCTCACCTT']
5007	NM_000531.5(OTC):c.919A>G (p.Lys307Glu)	5009	OTC	['GACATTTTTACACTGCTTGCCCAGARAGCCAGAAGAAGTGGATGATGAAGT']
5008	NM_000030.2(AGXT):c.248A>G (p.His83Arg)	189	AGXT	['ACACTGGTCATCTCTGGCTCGGGACRCTGTGCCCTGGAGGCCGCCCTGGTC']
5009	NM_000030.2(AGXT):c.424-2A>G (p.Gly_142Gln145del)	189	AGXT	['CACCCACAGCCGTCCCTGCTTCCTCRGGGCCTGGCCCAGCACAAGCCAGTG']
5010	NM_000030.2(AGXT):c.596-2A>G	189	AGXT	['CGTCCCGAGCAAACCACCCATCTACRGGCATCGACATCCTGTACTCGGGCT']
5011	NM_000030.2(AGXT):c.777-2A>G	189	AGXT	['TGGACCAAGCCCCCTCGTGTCTTCCRGGTACCATCACACAATCCCCGTCAT']
5012	NM_012203.1(GRHPR):c.84-2A>G	9380	GRHPR	['CTCCTGAGGGCCTCCCTTTCCCCGCRGCTGTGAGGTGGAGCAGTGGGACTC']
5013	NM_012203.1(GRHPR):c.934A>G (p.Asn312Asp)	9380	GRHPR	['CACCATGTCCTTGTTGGCAGCTAACRACTTGCTGGCTGGCCTGAGAGGGGA']
5014	NM_203290.2(POLR1C):c.221A>G (p.Asn74Ser)	9533	POLR1C	['GTGGGAATTGACGCAGCCATTGCCARTGCTTTTCGACGAATTCTGCTAGCT']
5015	NM_006516.2(SLC2A1):c.848A>G (p.Gln283Arg)	6513	SLC2A1	['GCTGTGGTGCTGCAGCTGTCCCAGCRGCTGTCTGGCATCAACGCTGTGAGT']
5016	NM_006516.2(SLC2A1):c.19-2A>G	6513	SLC2A1	['ATAACAGTGTGGTTTGTTTCTCCGCRGAAGCTGACGGGTCGCCTCATGCTG']
5017	NM_021007.2(SCN2A):c.387-2A>G	6326	SCN2A	['ACTTTGTCTTCCTTGACGATATTCTRCTTTATTCAATATGCTCATTATGTG']
5018	NM_021007.2(SCN2A):c.851A>G (p.Asp284Gly)	6326	SCN2A	['AATAAATGTTTGCAATGGCCTCCAGRTAATTCTTCCTTTGAAATAAATATC']
5019	NM_021007.2(SCN2A):c.4036A>G (p.Ile1346Val)	6326	SCN2A	['CATGAATGTACTTCTGGTTTGTCTGRTCTTTTGGCTAATATTCAGTATCAT']
5020	NM_001165963.1(SCN1A):c.4476+1A>G	-1	-	['TAATTTCAACCAGCAGAAAAAGAAGDTAAGTATTTCTAATATTTTCTCTCC']
5021	NM_001165963.1(SCN1A):c.1277A>G (p.Tyr426Cys)	6323	SCN1A	['ATCCTGGCTGTGGTGGCCATGGCCTRCGAGGAACAGAATCAGGCCACCTTG']
5022	NM_000391.3(TPP1):c.833A>G (p.Gln278Arg)	1200	TPP1	['GGGATTGAGGCCAGTCTAGATGTGCRGTACCTGATGAGTGCTGGTGCCAAC']
5023	NM_017882.2(CLN6):c.767A>G (p.Asp256Gly)	54982	CLN6	['GGAGAAGAGGAAGAGGCCGTTGCTGYCCAGGAAGAGGCGCTTGCGCTTCTG']
5024	NM_002693.2(POLG):c.3470A>G (p.Asn1157Ser)	5428	POLG	['GGGCCCCGCATACCTGGTCAAGAGGYTGGTGATCTGCAAGGCCAGGGCAGC']
5025	NM_002693.2(POLG):c.2840A>G (p.Lys947Arg)	5428	POLG	['GTGGGCATCAGCCGTGAGCATGCCARAATCTTCAACTACGGCCGCATCTAT']
5026	NM_002693.2(POLG):c.2636A>G (p.Gln879Arg)	5428	POLG	['CACAAGGGTGTAGCCAGGTGGGGCCYGCACCATGGCTTTCAACTCACTGCC']
5027	NM_000833.4(GRIN2A):c.2449A>G (p.Met817Val)	2903	GRIN2A	['GAGCAGCCAGCTGGACATTGACAACRTGGCGGGCGTATTCTACATGCTGGC']

【表７－９１】

5028	NM_000833.4(GRIN2A):c.1930A>G (p.Ser644Gly)	2903	GRIN2A	['CTTCTTCGCTGTCATATTCCTGGCTRGCTACACAGCCAATCTGGCTGCCTT']
5029	NM_000156.5(GAMT):c.1A>G (p.Met1Val)	2593	GAMT	['GTCGGGTCGCCGTCCAGCCTGCAGCRTGAGCGCCCCCAGCGCGACCCCCAT']
5030	NM_172107.2(KCNQ2):c.848A>G (p.Lys283Arg)	3785	KCNQ2	['CTGACCACCATTGGCTACGGGGACARGTACCCCCAGACCTGGAACGGCAGG']
5031	NM_172107.2(KCNQ2):c.611A>G (p.Gln204Arg)	3785	KCNQ2	['GCGCTCCGGAGCCTGCGCTTCCTGCRGATTCTGCGGATGATCCGCATGGAC']
5032	NM_172107.2(KCNQ2):c.297-2A>G	3785	KCNQ2	['CTGAGAGCGCGCGTTCCCTGCCCCCRGGTTCCTCCTGGTTTTCTCCTGCCT']
5033	NM_001105243.1(PCDH19):c.1019A>G (p.Asn340Ser)	57526	PCDH19	['GTCACCGTCAGCGTGCTGGACACCARTGACAATCCGCCGGTCATCAACCTG']
5034	NM_001105243.1(PCDH19):c.695A>G (p.Asn232Ser)	57526	PCDH19	['CTTAGTATCAAGGTGACCGACTCCADTGACAACAACCCGGTGTTTAGCGAG']
5035	NM_052859.3(RFT1):c.454A>G (p.Lys152Glu)	91869	RFT1	['TTCACAGCAGAAGGTGCACTGACCTBGAGCTTCACAAACATATGTGCTTGT']
5036	NM_052859.3(RFT1):c.1222A>G (p.Met408Val)	91869	RFT1	['TCTCCTCCCCAGGTACAATTTTGTGRTGCTGGCCCTGTCCTCCTCATTCCT']
5037	NM_020533.2(MCOLN1):c.1406A>G (p.Asn469Ser)	57192	MCOLN1	['TCTGAGTGCCTGTTCTCGCTCATCARTGGGGACGACATGTTTGTGACGTTC']
5038	NM_004456.4(EZH2):c.458A>G (p.Tyr153Cys)	2146	EZH2	['TTCATTGAAGAACTAATAAAAAATTRTGATGGGAAAGTACACGGGGATAGA']
5039	NM_005045.3(RELN):c.2168A>G (p.Tyr723Cys)	5649	RELN	['ACCACGGATAGAGTAAAAGTTATGGYAAGAGGAGAGCCTGGAACTGCCAAA']
5040	NM_006772.2(SYNGAP1):c.388-2A>G	8831	SYNGAP1	['CCCACCCCATCCCCATTTCCCCCCCRGCAAGGCTTCCTGAGCCGACGGCTA']
5041	NM_001080508.2(TBX18):c.487A>G (p.Lys163Glu)	9096	TBX18	['GATAGGCACTGAGATGATCATCACCRAGGCCGGCAGGTAATGGGCAAGCTG']
5042	NM_004964.2(HDAC1):c.461A>G (p.Asn154Ser)	3065	HDAC1	['GAGGCATCTGGCTTCTGTTACGTCARTGATATCGTCTTGGCCATCCTGGAA']
5043	NM_014946.3(SPAST):c.1168A>G (p.Met390Val)	6683	SPAST	['TGGTCCACCTGGGAATGGGAAGACARTGCTGGTAAGGGTTCTCTTCAAATT']
5044	NM_000314.6(PTEN):c.71A>G (p.Asp24Gly)	5728	PTEN	['TATCAAGAGGATGGATTCGACTTAGRCTTGACCTGTATCCATTTCTGCGGC']
5045	NM_004380.2(CREBBP):c.4409A>G (p.His1470Arg)	1387	CREBBP	['GGGTCCTGCAGGTATGTGACAGGGCRCATCTGGGCCTGTCCTCCAAGTGAA']
5046	NM_018206.4(VPS35):c.1463A>G (p.Gln488Arg)	55737	VPS35	['GATCCAGAAGATTTTGCTGATGAGCRGAGCCTTGTGGGCCGCTTCATTCAT']
5047	NM_152296.4(ATP1A3):c.971A>G (p.Glu324Gly)	478	ATP1A3	['GGCATCATCGTGGCCAATGTCCCAGRGGGTCTGCTGGCCACTGTCACTGTA']
5048	NM_172107.2(KCNQ2):c.710A>G (p.Tyr237Cys)	3785	KCNQ2	['TCTCAGGAGCTGGTCACTGCCTGGTRCATCGGCTTCCTTTGTCTCATCCTG']
5049	NM_001017980.3(VMA21):c.163+4A>G	203547	VMA21	['ACTAAATCTTACATATTTGAAGGTARTCTTAGACCCATTAAAACAAGATGT']

【表７－９２】

5050	NM_000489.4(ATRX):c.740A>G (p.Asn247Ser)	546	ATRX	['TTCTGCAAGAAATGCATTCTACGCARCCTTGGTCGAAAGGAGTTGTCCACA']
5051	NM_021147.4(CCNO):c.716A>G (p.His239Arg)	10309	CCNO	['CCCACCATTAGCTTCTTCCTGGAGCRTTTCACGCACGCTCGCGTGGAGGCG']
5052	NM_031924.4(RSPH3):c.631-2A>G	83861	RSPH3	['CTCTAGAGAATCAGGCCGTCCGAGCYAACAGTGATAGAAAATACTTCTAGA']
5053	NM_000069.2(CACNA1S):c.3526-2A>G	779	CACNA1S	['TCGCTTTCCCATCCTTTTCCTTCCCRGGGCTACTTTGGAGACCCCTGGAAT']
5054	NM_000533.4(PLP1):c.1A>G (p.Met1Val)	5354	PLP1	['CAATTGGAGTCAGAGTCCCAAAGACRTGGGTAAGTTTCAAAAACTTTAGCA']
5055	NM_207352.3(CYP4V2):c.1396A>G (p.Asn466Asp)	285440	CYP4V2	['CGTGCCCTTCTCTGCTGGCCCCAGGRACTGTATAGGTTTGTATCCATCTGA']
5056	NM_033409.3(SLC52A3):c.403A>G (p.Thr135Ala)	113278	SLC52A3	['ACAAAGAAGGTGGTGAGGTAGTAGGYGGGCAGCCGGCTCATGAACGGCAGG']
5057	NM_033409.3(SLC52A3):c.62A>G (p.Asn21Ser)	113278	SLC52A3	['CAGGGGCAGCTCTACCCAGAGCCCAYTGATGGTCACCCAGGAGCCCATTCC']
5058	NM_017662.4(TRPM6):c.3173A>G (p.Tyr1058Cys)	140803	TRPM6	['CAAGCTGTCTACCTCTTCGTGCAATRTATCATCATGGTGAACCTGTTGATT']
5059	NM_006642.3(SDCCAG8):c.221-2A>G	10806	SDCCAG8	['AATAAACCCTCTGCTTTTGCTCTATRGTTAATCAGCTCAAAGATTTGTTGC']
5060	NM_022455.4(NSD1):c.5990A>G (p.Tyr1997Cys)	64324	NSD1	['CAAGAACATGATATCACTAATTTCTRTATGCTCACCCTAGACAAAGTAAGT']
5061	NM_000352.4(ABCC8):c.563A>G (p.Asn188Ser)	6833	ABCC8	['GGGATGCTGCTCCTCGTGGAGGTCARTGTCATCAGGGTGAGGGTAAGCAGG']
5062	NM_000275.2(OCA2):c.1427A>G (p.Asn476Ser)	4948	OCA2	['GATGGCAGTGGCAGCTCCTCCAATGYTTGTGAAGATCACTTCTGCAATCAG']
5063	NM_001848.2(COL6A1):c.1003-2A>G	1291	COL6A1	['ATTTTCTAGTTTTCTTCCTCTTTCCRGGGGGAGATGGGGTACCCAGGCCTG']
5064	NM_003560.2(PLA2G6):c.1349-2A>G	8398	PLA2G6	['CAGCATGCCCTGCTCTGTGCCTCACRGAACTACAGGATCTCATGCACATCT']
5065	NM_178151.2(DCX):c.280A>G (p.Asn94Asp)	1641	DCX	['TGACCTGACGCGATCTCTGTCTGACRACATCAACCTGCCTCAGGGAGTGCG']
5066	NM_000425.4(L1CAM):c.2351A>G (p.Tyr784Cys)	3897	L1CAM	['TCCAACACGTCCACCTTCGTGCCCTRTGAGATCAAAGTCCAGGCCGTCAAC']
5067	NM_000052.6(ATP7A):c.2173-2A>G	538	ATP7A	['TCAATGATTATCATTCCTATATTGCRGTTTTTCGGAGGCTGGTACTTCTAC']
5068	NM_020247.4(ADCK3):c.1286A>G (p.Tyr429Cys)	56997	ADCK3	['CTGCTGAAGGGCCACCCCTTCTTCTRTGTGCCTGAGATTGTGGATGAGCTC']
5069	NM_000143.3(FH):c.554A>G (p.Gln185Arg)	2271	FH	['AAACAGCAAAGCTCACATACTGACCYGGCTTTTATTAACATGATCGTTGGG']
5070	NM_033109.4(PNPT1):c.1453A>G (p.Met485Val)	87178	PNPT1	['AAACTTCCGCCACATGCAGATGCCAKAGAAGATGACCCTATAGAAAGAAAA']
5071	NM_005888.3(SLC25A3):c.158-9A>G	5250	SLC25A3	['TACTTACTTGATTTTTTTTTTTCCARTCAAACAGAGCAGTATAGCTGTGAC']

【表７－９３】

5072	NM_181426.1(CCDC39):c.610-2A>G	339829	CCDC39	['TTGTGCTGCTTTATCCAATTCTAACYGTCAAACAGAGAGCAAAGAACATTT']
5073	NM_153704.5(TMEM67):c.725A>G (p.Asn242Ser)	91147	TMEM67	['ATTGTTCTGTTGTAGGTATATGCCARTCTAACATCTTGTCAAGCTCTTGGA']
5074	NM_000166.5(GJB1):c.305A>G (p.Glu102Gly)	2705	GJB1	['CACGTGGCTCACCAGCAACACATAGRGAAGAAAATGCTACGGCTTGAGGGC']
5075	NM_019098.4(CNGB3):c.1193A>G (p.Tyr398Cys)	54714	CNGB3	['AATTAAAGTTCGAACTGCCCAATAAYAACATCTCAGATACCTGTGAAAACA']
5076	NM_000070.2(CAPN3):c.1194-9A>G	825	CAPN3	['CCATATGGCTCTCTCTCTTCTTCCARCCTCTCAGGATGTCCTATGAGGATT']
5077	NM_002860.3(ALDH18A1):c.2345A>G (p.Tyr782Cys)	5832	ALDH18A1	['AGGAATAGGGAGGTTCTCATGAAGABATTTTAAACTTCCATGCTCTGAGAA']
5078	NM_001414.3(EIF2B1):c.824A>G (p.Tyr275Cys)	1967	EIF2B1	['CAGAGTGATTAAGGAAGGGGCAGTGYAGTCGACCCACGGATGCTCCTCTTT']
5079	NM_182896.2(ARL13B):c.461A>G (p.Asn154Ser)	200894	ARL13B	['TGTCTATCTCTGGAAAAATTGGTCARTGAGCACAAGTGCCTGTGTCAGATA']
5080	NM_001134831.1(AHI1):c.1152-2A>G	54806	AHI1	['TAGTAAGATGAAACAGGCCGTCCACYGTACAAAAAAAGATACTTCCATTAA']
5081	NM_153704.5(TMEM67):c.978+3A>G	91147	TMEM67	['TCAGTTTTAAAGGAGAAAACCAGGTRAAAGTGTCTAATATCATTAGAGGAT']
5082	NM_015681.3(B9D1):c.95A>G (p.Tyr32Cys)	27077	B9D1	['CCAGTCCTGGCCGTACACAAAGCAGYACTTGCAGTAGAGGTCATCATACTC']
5083	NM_014049.4(ACAD9):c.1A>G (p.Met1Val)	28976	ACAD9	['CTGAGGCTGGGGAACATCGGGCAGCWTGAGCGGCTGCGGGCTCTTCCTGCG']

表８．ｘＣａｓ９ｖ３変異（Ｋ２９４Ｒ／Ｑ１２５６Ｋのシリーズ）

【表８】

xCas9 3.0	xCas9 3.1	xCas9 3.2	xCas9 3.3	xCas9 3.4
		N175T		
P230F				
			D257N	
S267G		S267G	S267G	
K294R	K294R	K294R	K294R	K294R
			T466A	
E480K	E480K	E480K	E480K	E480K
E543D	E543D	E543D	E543D	E543D
	A711E			
	E1207G		I1063V	
E1219V	E1219V	E1219V	E1219V	E1219V

表９．ｘＣａｓ９ｖ３変異（Ａ２６２Ｔ／Ｓ４０９Ｉのシリーズ）

【表９】

xCas9 3.5	xCas9 3.6	xCas9 3.7	xCas9 3.8	xCas9 3.9	xCas9 3.10	xCas9 3.11	xCas9 3.12
E108G	E108G					E108G	E108G
	S217A						
A262T	A262T	A262T	A262T	A262T	A262T	A262T	A262T
		R324L					
S409I	S409I	S409I	S409I	S409I	S409I	S409I	S409I
E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K	E480K
E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D	E543D
			D605D	D605D			
K673E						K673E	
M694I	M694I	M694I	M694I	M694I	M694I	M694I	M694I
E1219V	E1219V	E1219V	E1219V	E1219V	E1219V	E1219V	E1219V
			H1264Y				
L1365I	L1365I				L1365I		L1365I

表１０．ＰＡＭ減少スコア（ｘＣａｓ９ｖ３．０～３．６変異）

【表１０－１】

	22-4	22-10	22-11	22-14	22-21	22-65	22-66
	xCas9 3.0	**xCas9 3.1**	**xCas9 3.2**	**xCas9 3.3**	**xCas9 3.4**	**xCas9 3.5**	**xCas9 3.6**
AAA	0.61	0.69	1.38	0.90	0.98	1.29	1.47
AAC	0.67	0.77	0.78	0.71	0.93	0.80	1.55
AAG	13.88	15.70	32.70	28.75	22.79	48.60	92.02
AAT	0.52	0.59	0.87	0.63	0.76	0.87	0.84
ACA	0.52	0.52	0.48	0.51	0.57	0.59	0.72
ACC	0.54	0.50	0.48	0.48	0.47	0.46	0.55
ACG	10.15	30.07	41.38	108.50	32.19	25.52	158.44
ACT	0.46	0.47	0.39	0.41	0.44	0.40	0.50
AGA	13.22	28.30	34.42	57.31	38.26	31.93	170.85
AGC	7.55	5.84	11.17	8.69	7.63	13.13	5.54
AGG	12.23	188.82	37.97	182.49	194.93	82.99	355.32
AGT	13.19	9.75	17.03	16.09	10.90	19.84	22.47
ATA	0.58	0.56	0.51	0.52	0.51	0.53	0.49

【表１０－２】

ATC	0.52	0.50	0.45	0.45	0.47	0.42	0.38
ATG	11.38	14.85	23.55	40.11	20.48	30.27	108.77
ATT	0.48	0.46	0.43	0.42	0.43	0.41	0.39
CAA	1.55	2.00	6.63	5.06	3.42	6.29	4.66
CAC	0.57	0.65	0.99	0.75	0.86	0.93	3.20
CAG	15.05	11.83	26.90	26.86	22.15	32.07	137.31
CAT	4.41	6.06	17.67	7.55	6.30	8.13	7.87
CCA	0.48	0.46	0.41	0.43	0.42	0.40	0.39
CCC	0.53	0.51	0.46	0.45	0.45	0.43	0.44
CCG	3.35	2.67	6.87	6.98	4.69	8.56	5.44
CCT	0.53	0.50	0.45	0.49	0.46	0.43	0.38
CGA	9.23	49.45	43.50	106.20	62.04	27.17	116.32
CGC	13.79	8.59	17.62	15.06	12.16	21.40	11.61
CGG	16.85	223.84	46.41	346.14	96.28	90.82	252.73
CGT	12.66	23.87	36.06	42.02	20.18	27.33	179.69
CTA	0.54	0.50	0.45	0.47	0.47	0.45	0.49
CTC	0.51	0.48	0.43	0.44	0.45	0.42	0.38
CTG	5.39	3.40	6.92	8.28	5.95	11.34	4.20
CTT	0.52	0.52	0.46	0.46	0.44	0.44	0.82
GAA	10.98	7.67	14.45	11.25	9.75	11.86	6.86
GAC	0.88	1.35	4.85	2.92	2.40	5.25	4.15
GAG	11.85	55.33	39.91	118.83	109.84	85.83	390.44
GAT	7.69	5.68	10.55	9.22	6.41	11.03	9.53
GCA	0.49	0.49	0.47	0.52	0.53	0.59	0.61
GCC	0.53	0.52	0.50	0.50	0.49	0.46	0.52
GCG	13.68	13.44	22.56	46.72	32.75	35.86	97.69
GCT	0.51	0.50	0.45	0.48	0.46	0.45	0.61
GGA	9.74	82.32	39.45	172.39	102.30	85.53	77.46
GGC	12.21	10.04	17.84	15.18	14.04	27.07	17.46
GGG	18.90	381.76	70.36	281.12	164.21	111.87	718.40
GGT	10.87	22.11	32.25	88.31	40.66	40.16	257.92
GTA	0.56	0.59	0.77	0.72	0.76	1.03	1.55
GTC	0.52	0.51	0.46	0.52	0.49	0.45	0.58
GTG	11.43	16.42	28.54	72.25	33.31	47.65	382.48
GTT	0.48	0.45	0.41	0.43	0.43	0.42	0.76
TAA	0.58	0.67	1.59	0.99	1.04	1.69	1.53
TAC	0.56	0.54	0.51	0.51	0.52	0.50	0.44
TAG	11.34	10.19	15.99	22.04	15.24	27.89	35.59
TAT	0.56	0.64	1.26	0.85	0.89	1.21	2.60

【表１０－３】

TCA	0.50	0.48	0.43	0.45	0.46	0.45	0.44
TCC	0.50	0.48	0.43	0.46	0.44	0.42	0.47
TCG	10.38	8.24	14.95	15.64	9.96	15.57	34.80
TCT	0.52	0.50	0.45	0.44	0.46	0.41	0.46
TGA	9.68	61.64	44.45	188.12	99.42	46.89	186.41
TGC	13.64	9.07	15.11	11.69	11.22	15.01	8.15
TGG	12.90	223.88	63.67	259.65	115.56	80.51	210.65
TGT	11.53	18.90	31.99	36.30	18.72	21.90	122.87
TTA	0.61	0.57	0.52	0.54	0.51	0.52	0.30
TTC	0.53	0.50	0.44	0.45	0.44	0.43	0.27
TTG	13.57	6.61	10.15	13.27	7.38	14.26	12.24
TTT	0.53	0.49	0.44	0.45	0.48	0.44	0.28

表１０のつづき．ＰＡＭ減少スコア（ｘＣａｓ９ｖ３．７～３．１２変異）

【表１０－４】

	22-68	22-75	22-78	22-82	22-87	22-90
	xCas9 3.7	**xCas9 3.8**	**xCas9 3.9**	**xCas9 3.10**	**xCas9 3.11**	**xCas9 3.12**
AAA	0.92	1.00	4.30	0.63	0.48	1.67
AAC	8.72	3.59	1.55	1.59	0.94	1.34
AAG	23.44	20.16	16.46	10.63	26.46	22.44
AAT	1.03	0.89	1.22	1.07	0.76	0.96
ACA	0.80	0.92	0.52	0.68	1.09	0.83
ACC	0.42	1.37	0.32	1.03	0.81	0.53
ACG	11.20	6.65	21.80	1.38	1.23	0.88
ACT	0.27	0.38	0.24	0.88	0.54	0.66
AGA	11.63	11.95	14.60	0.89	1.42	1.78
AGC	1.03	11.25	8.05	1.54	1.77	2.39
AGG	8.05	11.61	21.28	1.37	33.28	113.98
AGT	11.10	6.85	12.73	0.39	2.70	0.91
ATA	0.73	0.79	0.58	1.04	0.70	0.94
ATC	0.43	0.47	0.28	0.63	0.86	0.87
ATG	15.46	13.03	4.76	2.21	2.39	1.73
ATT	0.62	0.30	0.53	0.59	0.91	0.74
CAA	8.96	6.08	1.97	1.46	0.53	0.67
CAC	1.65	1.31	0.81	0.60	0.75	0.73
CAG	3.46	1.99	1.44	23.50	9.51	13.76
CAT	20.52	44.57	18.70	16.29	15.96	0.36
CCA	0.40	0.31	0.64	0.87	0.55	0.64
CCC	0.35	0.54	0.55	1.12	0.56	0.69

【表１０－５】

CCG	4.35	5.28	5.57	1.37	0.94	0.83
CCT	0.40	1.04	0.36	1.22	0.67	0.59
CGA	4.47	7.60	5.26	1.35	1.36	2.02
CGC	13.35	10.98	5.45	4.03	5.37	3.66
CGG	6.06	5.52	25.23	31.85	19.44	34.65
CGT	17.13	7.41	17.31	0.63	1.44	0.66
CTA	0.76	0.50	0.50	1.97	1.45	1.05
CTC	0.40	0.26	0.65	0.58	0.45	0.81
CTG	5.64	9.49	6.82	1.35	1.41	2.11
CTT	0.50	0.63	0.68	0.54	0.73	0.88
GAA	9.81	6.07	4.68	2.07	0.87	1.09
GAC	3.91	3.95	2.82	0.44	0.86	0.56
GAG	23.26	21.32	9.88	16.93	18.42	40.73
GAT	5.06	9.85	1.07	0.75	1.06	0.63
GCA	0.56	0.81	0.79	1.46	0.44	0.89
GCC	0.35	0.52	0.71	0.65	3.67	0.73
GCG	16.11	12.53	9.43	1.59	1.98	2.22
GCT	0.42	0.88	0.27	0.66	1.14	0.76
GGA	3.01	18.40	33.07	27.28	16.20	46.82
GGC	6.03	3.83	11.69	8.03	22.56	3.92
GGG	12.16	10.26	15.08	17.30	25.85	128.03
GGT	11.25	13.77	2.94	12.71	16.11	16.22
GTA	1.38	1.08	1.24	0.75	3.52	1.09
GTC	0.96	0.31	0.50	0.93	0.72	0.81
GTG	6.68	17.93	26.86	9.93	9.61	2.72
GTT	0.45	0.33	0.99	0.65	1.61	1.01
TAA	3.04	2.16	1.84	1.21	1.08	0.68
TAC	0.61	0.52	0.68	0.95	0.68	0.86
TAG	4.76	15.71	1.10	8.15	8.25	8.87
TAT	1.62	2.10	1.01	0.73	0.74	0.66
TCA	0.41	0.66	0.58	0.46	0.77	0.68
TCC	0.54	0.29	0.38	1.36	0.86	0.82
TCG	1.41	4.20	9.11	0.84	0.46	0.69
TCT	0.47	0.44	0.38	0.60	1.00	0.94
TGA	22.42	5.39	15.72	1.78	3.13	3.69
TGC	6.78	6.81	11.35	2.41	6.55	4.08
TGG	20.36	11.36	11.56	9.97	21.64	19.87
TGT	10.32	8.82	21.17	0.94	0.79	0.73
TTA	0.65	0.29	0.77	0.94	1.35	0.75

【表１０－６】

TTC	0.62	1.07	0.55	0.86	1.07	0.58
TTG	8.41	6.07	9.07	0.67	0.56	0.72
TTT	0.43	0.56	0.44	0.68	0.60	0.75

参考文献

1. Humbert O, Davis L, Maizels N. Targeted gene therapies: tools, applications, optimization. Crit Rev Biochem Mol.2012; 47(3):264-81. PMID: 22530743.

2. Perez-Pinera P, Ousterout DG, Gersbach CA. Advances in targeted genome editing. Curr Opin Chem Biol. 2012; 16(3-4):268-77. PMID: 22819644.
3. Urnov FD, Rebar EJ, Holmes MC, Zhang HS, Gregory PD. Genome editing with engineered zinc finger nucleases. Nat Rev Genet. 2010; 11(9):636-46. PMID: 20717154.
4. Joung JK, Sander JD. TALENs: a widely applicable technology for targeted genome editing. Nat Rev Mol Cell Biol. 2013; 14(1):49-55. PMID: 23169466.
5. Charpentier E, Doudna JA. Biotechnology: Rewriting a genome. Nature. 2013; 495, (7439):50-1. PMID: 23467164.
6. Pan Y, Xia L, Li AS, Zhang X, Sirois P, Zhang J, Li K. Biological and biomedical applications of engineered nucleases. Mol Biotechnol. 2013; 55(1):54-62. PMID: 23089945.
7. De Souza, N. Primer: genome editing with engineered nucleases. Nat Methods. 2012; 9(1):27. PMID: 22312638.
8. Santiago Y, Chan E, Liu PQ, Orlando S, Zhang L, Urnov FD, Holmes MC, Guschin D, Waite A, Miller JC, Rebar EJ, Gregory PD, Klug A, Collingwood TN. Targeted gene knockout in mammalian cells by using engineered zinc-finger nucleases. Proc Natl Acad Sci U S A. 2008; 105(15):5809-14. PMID: 18359850.
9. Cargill M, Altshuler D, Ireland J, Sklar P, Ardlie K, Patil N, Lane CR, Lim EP, Kalyanaraman N, Nemesh J, Ziaugra L, Friedland L, Rolfe A, Warrington J, Lipshutz R, Daley GQ, Lander ES. Characterization of single-nucleotide polymorphisms in coding regions of human genes. Nat Genet. 1999; 22(3):231-8. PMID: 10391209.
10. Jansen R, van Embden JD, Gaastra W, Schouls LM. Identification of genes that are associated with DNA repeats in prokaryotes. Mol Microbiol. 2002; 43(6):1565-75. PMID: 11952905.
11. Mali P, Esvelt KM, Church GM. Cas9 as a versatile tool for engineering biology. Nat Methods. 2013; 10(10):957-63. PMID: 24076990.
12. Jore MM, Lundgren M, van Duijin E, Bultema JB, Westra ER, Waghmare SP, Wiedenheft B, Pul U, Wurm R, Wagner R, Beijer MR, Barendregt A, Shou K, Snijders AP, Dickman MJ, Doudna JA, Boekema EJ, Heck AJ, van der Oost J, Brouns SJ. Structural basis for CRISPR RNA-guided DNA recognition by Cascade. Nat Struct Mol Biol. 2011; 18(5):529-36. PMID: 21460843.
13. Horvath P, Barrangou R. CRISPR/Cas, the immune system of bacteria and archaea. Science. 2010; 327(5962):167-70. PMID: 20056882.
14. Wiedenheft B, Sternberg SH, Doudna JA. RNA-guided genetic silencing systems in bacteria and archaea. Nature. 2012; 482(7385):331-8. PMID: 22337052.
15. Gasiunas G, Siksnys V. RNA-dependent DNA endonuclease Cas9 of the CRISPR system: Holy Grail of genome editing? Trends Microbiol. 2013; 21(11):562-7. PMID: 24095303.
16. Qi LS, Larson MH, Gilbert LA, Doudna JA, Weissman JS, Arkin AP, Lim WA. Repurposing CRISPR as an RNA-guided platform for sequence-specific control of gene expression. Cell. 2013; 152(5):1173-83. PMID: 23452860.
17. Perez-Pinera P, Kocak DD, Vockley CM, Adler AF, Kabadi AM, Polstein LR, Thakore PI, Glass KA, Ousterout DG, Leong KW, Guilak F, Crawford GE, Reddy TE, Gersbach CA. RNA-guided gene activation by CRISPR-Cas9-based transcription factors. Nat Methods. 2013; 10(10):973-6. PMID: 23892895.
18. Mali P, Aach J, Stranges PB, Esvelt KM, Moosburner M, Kosuri S, Yang L, Church GM. CAS9 transcriptional activators for target specificity screening and paired nickases for cooperative genome engineering. Nat Biotechnol. 2013

; 31(9):833-8. PMID: 23907171.
19. Gilbert LA, Larson MH, Morsut L, Liu Z, Brar GA, Torres SE, Stern-Ginossar N, Brandman O, Whitehead EH, Doudna JA, Lim WA, Weissman JS, Qi LS. CRISPR-mediated modular RNA-guided regulation of transcription in eukaryotes. Cell. 2013; 154(2):442-51. PMID: 23849981.
20. Larson MH, Gilbert LA, Wang X, Lim WA, Weissman JS, Qi LS. CRISPR interference (CRISPRi) for sequence-specific control of gene expression. Nat Protoc. 2013; 8(11):2180-96. PMID: 24136345.
21. Mali P, Yang L, Esvelt KM, Aach J, Guell M, DiCarlo JE, Norville JE, Church GM. RNA-guided human genome engineering via Cas9. Science. 2013; 339(6121):823-6. PMID: 23287722.
22. Cole-Strauss A, Yoon K, Xiang Y, Byrne BC, Rice MC, Gryn J, Holloman WK, Kmiec EB. Correction of the mutation responsible for sickle cell anemia by an RNA-DNA oligonucleotide. Science. 1996; 273(5280):1386-9. PMID: 8703073.
23. Tagalakis AD, Owen JS, Simons JP. Lack of RNA-DNA oligonucleotide (chimeraplast) mutagenic activity in mouse embryos. Mol Reprod Dev. 2005; 71(2):140-4. PMID: 15791601.
24. Ray A, Langer M. Homologous recombination: ends as the means. Trends Plant Sci. 2002; 7(10):435-40. PMID 12399177.
25. Britt AB, May GD. Re-engineering plant gene targeting. Trends Plant Sci. 2003; 8(2):90-5. PMID: 12597876.
26. Vagner V, Ehrlich SD. Efficiency of homologous DNA recombination varies along the Bacillus subtilis chromosome. J Bacteriol. 1988; 170(9):3978-82. PMID: 3137211.
27. Saleh-Gohari N, Helleday T. Conservative homologous recombination preferentially repairs DNA double-strand breaks in the S phase of the cell cycle in human cells. Nucleic Acids Res. 2004; 32(12):3683-8. PMID: 15252152.
28. Lombardo A, Genovese P, Beausejour CM, Colleoni S, Lee YL, Kim KA, Ando D, Urnov FD, Galli C, Gregory PD, Holmes MC, Naldini L. Gene editing in human stem cells using zinc finger nucleases and integrase-defective lentiviral vector delivery. Nat Biotechnol. 2007; 25(11):1298-306. PMID: 17965707.
29. Conticello SG. The AID/APOBEC family of nucleic acid mutators. Genome Biol. 2008; 9(6):229. PMID: 18598372.
30. Reynaud CA, Aoufouchi S, Faili A, Weill JC. What role for AID: mutator, or assembler of the immunoglobulin mutasome? Nat Immunol. 2003; 4(7):631-8.
31. Bhagwat AS. DNA-cytosine deaminases: from antibody maturation to antiviral defense. DNA Repair (Amst). 2004; 3(1):85-9. PMID: 14697763.
32. Navaratnam N, Sarwar R. An overview of cytidine deaminases. Int J Hematol. 2006; 83(3):195-200. PMID: 16720547.
33. Holden LG, Prochnow C, Chang YP, Bransteitter R, Chelico L, Sen U, Stevens RC, Goodman MF, Chen XS. Crystal structure of the anti-viral APOBEC3G catalytic domain and functional implications. Nature. 2008; 456(7218):121-4. PMID: 18849968.
34. Chelico L, Pham P, Petruska J, Goodman MF. Biochemical basis of immunological and retroviral responses to DNA-targeted cytosine deamination by activation-induced cytidine deaminase and APOBEC3G. J Biol Chem. 2009; 284(41). 27761-5. PMID: 19684020.
35. Pham P, Bransteitter R, Goodman MF. Reward versus risk: DNA cytidine deaminases triggering immunity and disease. Biochemistry. 2005; 44(8):2703-15. PMID 15723516.

36. Chen X, Zaro JL, Shen WC. Fusion protein linkers: property, design and functionality. Adv Drug Deliv Rev. 2013; 65(10):1357-69. PMID: 23026637.
37. Slaymaker, I. M. et al. Rationally engineered Cas9 nucleases with improved specificity. Science, doi:10.1126/science.aad5227 (2015).
38. Kleinstiver, B. P. et al. Engineered CRISPR-Cas9 nucleases with altered PAM specificities. Nature 523, 481-485, doi:10.1038/nature14592 (2015).
39. Pattanayak, V. et al. High-throughput profiling of off-target DNA cleavage reveals RNA- programmed Cas9 nuclease specificity. Nature Biotechnology 31, 839-843, doi:10.1038/nbt.2673 (2013).
40. Shcherbakova, D. M. & Verkhusha, V. V. Near-infrared fluorescent proteins for multicolor in vivo imaging. Nature Methods 10, 751-754, doi:10.1038/nmeth.2521 (2013).
41. Kleinstiver, et al., High-fidelity CRISPR-Cas9 nucleases with no detectable genome-wide off-target effects. Nature 529, 490-495 doi:10.1038/nature16526 (2016).

【０２７５】

本明細書において、例えば背景技術、要約、発明の詳細な説明、例および／または参考文献のセクションにおいて、言及される全ての刊行物、特許、特許出願、刊行およびデータベースエントリー（例えば配列データベースエントリー）は、個々の刊行物、特許、特許出願、刊行物、およびデータベースエントリーが、具体的かつ個別的に本明細書に引用されたのと同様に、参照によりその全開示内容が本明細書に援用されるものとする。不一致が生じる場合には、本出願（本明細書中の定義も含む）が優先する。

【０２７６】

均等物と範囲

当業者は、本明細書に記載される態様の多くの均等物を認識するか、または慣例的な実験作業だけを用いて確かめる能力があるであろう。本開示の範囲は、上の記載に限定されることを意図されておらず、むしろ添付のクレームに示されている通りである。

【０２７７】

「a」、「an」、および「the」などの冠詞は、それと逆に示されないかまたは文脈から別様に明白でない限り、１つまたは１つよりも多くを意味し得る。ある群の２つ以上のメンバーの間に「または」を包含するクレームまたは記載は、それと逆に示されないかまたは文脈から別様に明白でない限り、群のメンバーの１つ、１つよりも多く、または全てが存在する場合には、満足されると見なされる。２つ以上の群のメンバー間に「または」を包含する群の開示は、群の厳密に１つのメンバーが存在する態様、群の１つよりも多くのメンバーが存在する態様、および群のメンバーの全てが存在する態様を提供する。簡潔性の目的のために、それらの態様は本明細書において個々に書き出していないが、それらの態様のそれぞれが本明細書において提供されており、具体的に請求または放棄され得るということは理解されるであろう。

【０２７８】

本発明は、１以上の限定、要素、節、または記述用語がクレームの１以上からまたは明細書の１以上の関係する部分から別の請求項に導入される全てのバリエーション、組み合わせ、および順列を包摂するということは理解されるはずである。例えば、別のクレームに従属するあるクレームは、同じ基礎クレームに従属するいずれかの他のクレームに見出される限定の１以上を包含するように改変され得る。さらにその上に、別様に示されない限り、または矛盾もしくは不一致が生起するであることが当業者に明白でない限り、クレームが組成物を記載しているところでは、適宜、本明細書において開示される作るもしくは用いる方法のいずれかに従って、または当分野において公知の方法に従って、組成物を作るまたは用いる方法が包含されるということは理解されるはずである。

【０２７９】

要素がリストとして、例えばマーカッシュ群フォーマットで提示されているところでは

、要素のあらゆる可能な下位群もまた開示されるということと、いずれかの要素または要素の下位群が群から除去され得るということとは理解されるはずである。用語「含む」は開放的であることを意図されており、追加の要素またはステップの包含を許容するということもまた注意される。一般的に、ある態様、産物、または方法が具体的な要素、特徴、またはステップを含むと言われるところでは、かかる要素、特徴、またはステップからなるかまたは本質的になる態様、産物、または方法も同じく提供されるということは理解されるはずである。簡潔性の目的のために、それらの態様は本明細書において個々に書き出されていないが、それらの態様のそれぞれが本明細書において提供されており、具体的に請求または放棄され得るということは理解されるであろう。

【０２８０】

範囲が与えられているところでは、エンドポイントが包含される。さらにその上に、いくつかの態様において、別様に示されないかまたは文脈および／もしくは当業者の理解から別様に明白でない限り、範囲として表されている値は、記された範囲内のいずれかの特定の値を、文脈が明瞭に別様に述べていない限り範囲の下限の単位の十分の一までとり得るということは理解されるはずである。簡潔性の目的のために、各範囲内の値は本明細書において個々に書き出さなかったが、それらの値のそれぞれが本明細書において提供されており、具体的に請求または放棄され得るということは理解されるはずである。別様に示されないかまたは文脈および／もしくは当業者の理解から別様に明白でない限り、範囲として表されている値は所与の範囲内のいずれかの部分範囲をとり得、部分範囲のエンドポイントは範囲の下限の単位の十分の一と同じ程度の正確度で表されるということもまた理解されるはずである。

【０２８１】

加えて、本発明のいずれかの具体的な態様がクレームのいずれか１以上から明示的に除外され得るということは理解されるであろう。範囲が与えられているところでは、範囲内のいずれかの値がクレームのいずれか１以上から明示的に除外され得る。本発明の組成物および／または方法のいずれかの態様、要素、特徴、用途、または側面は、いずれか１以上のクレームから除外され得る。簡潔性の目的のために、１以上の要素、特徴、目的、または側面が除外された態様の全てが本明細書に明示的に示されているわけではない。

【図面】

【図１】

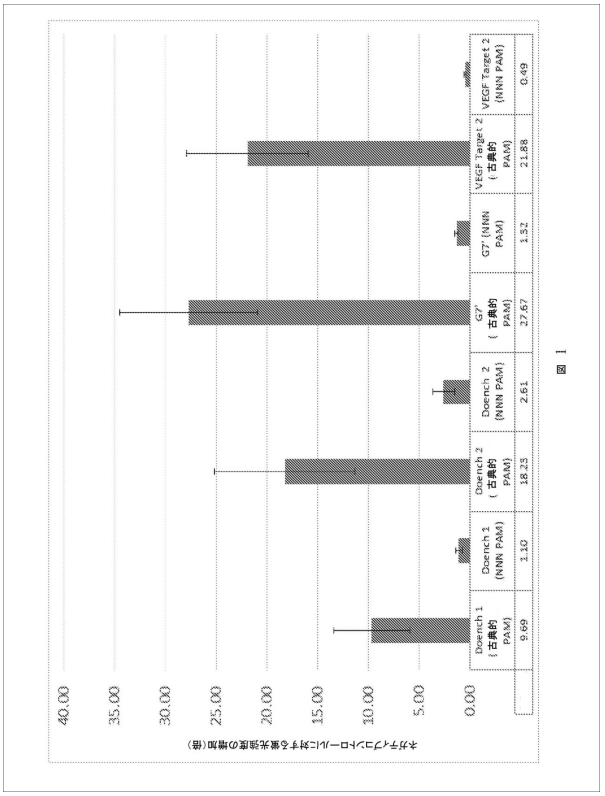


図 1

【図２】

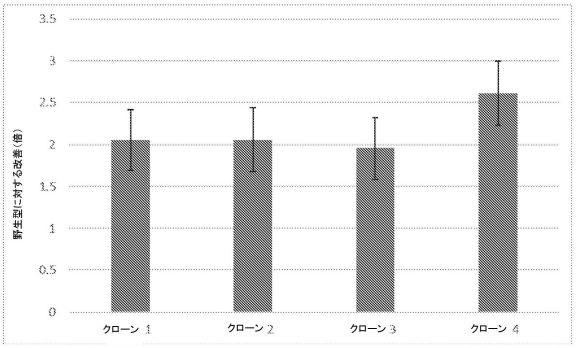
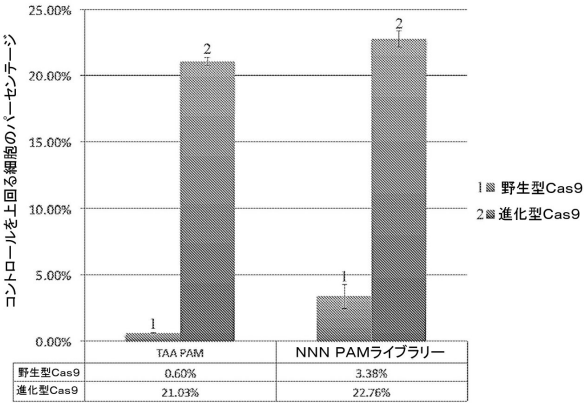


図 2

【図３】



	TAA PAM	NNN PAMライブラリー
野生型Cas9	0.60%	3.38%
進化型Cas9	21.03%	22.76%

図 3

【図４】

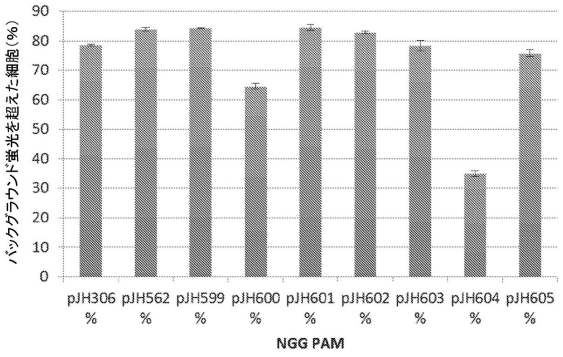


図 4A

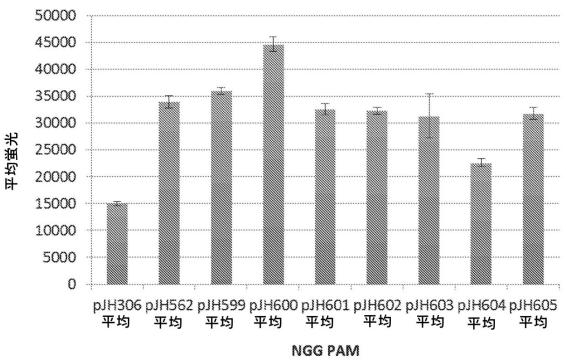


図 4B

【図５】

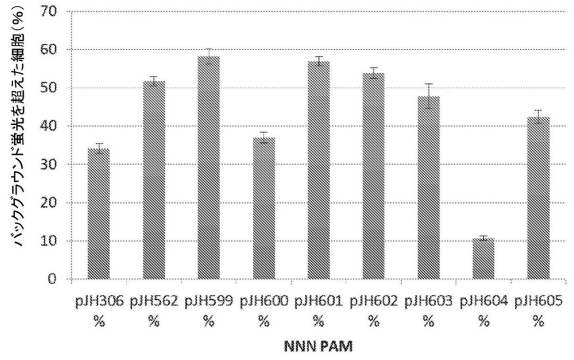


図 5A

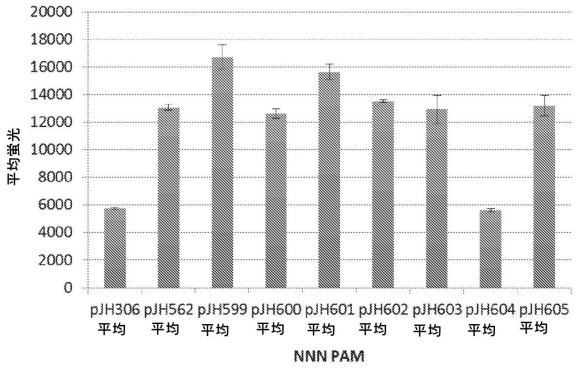


図5B

【図６】

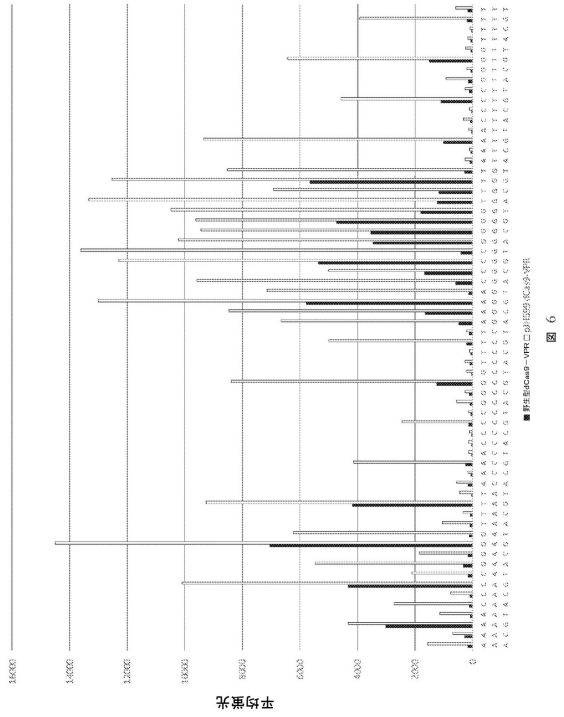


図 6

【図７】

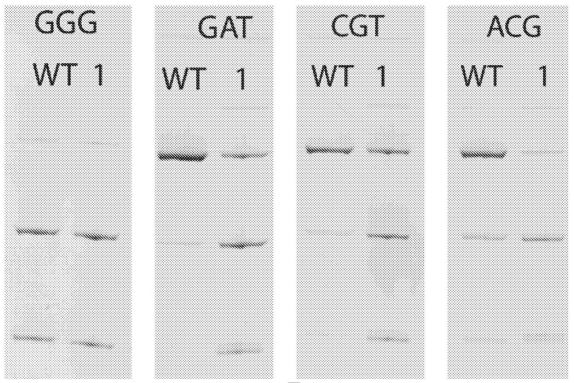


図 7

【図８】

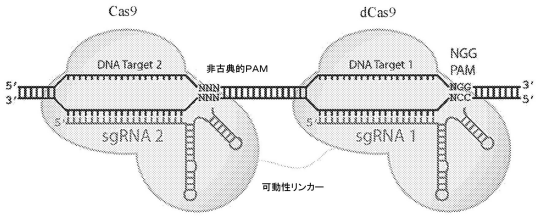


図 8

【図９】

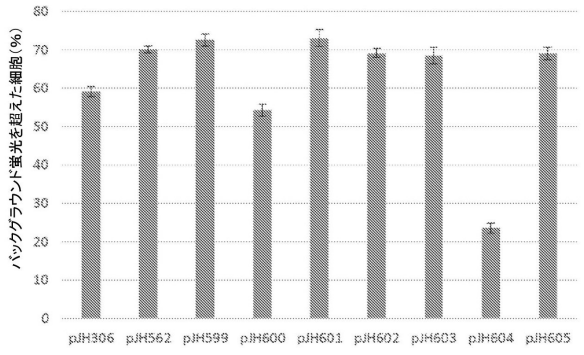


図 9A

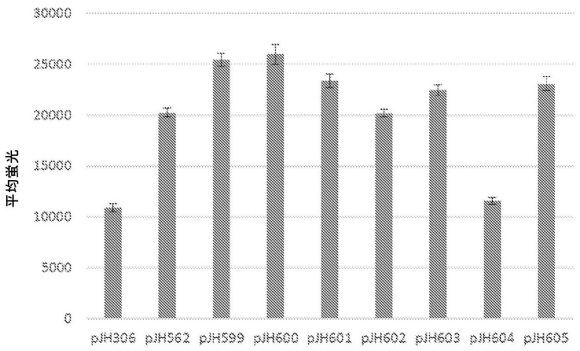


図 9B

【図１０】

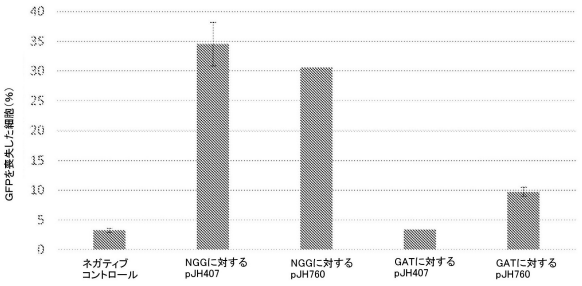


図 10

【図１１】

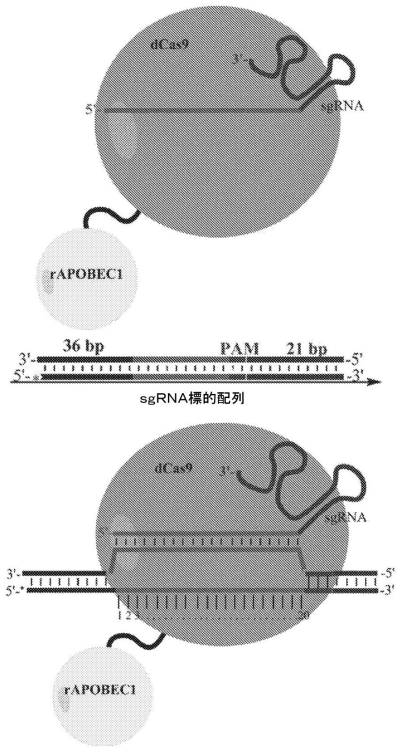


図 11

【図１２】

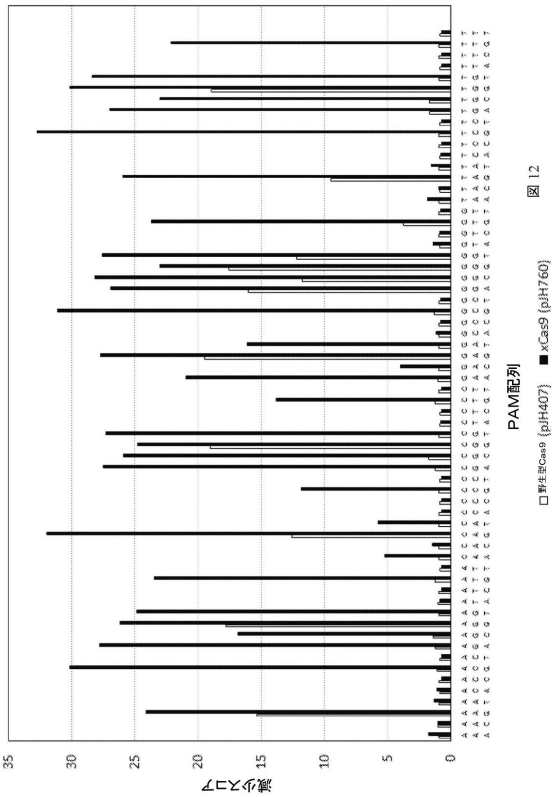


図 12

【図１３】

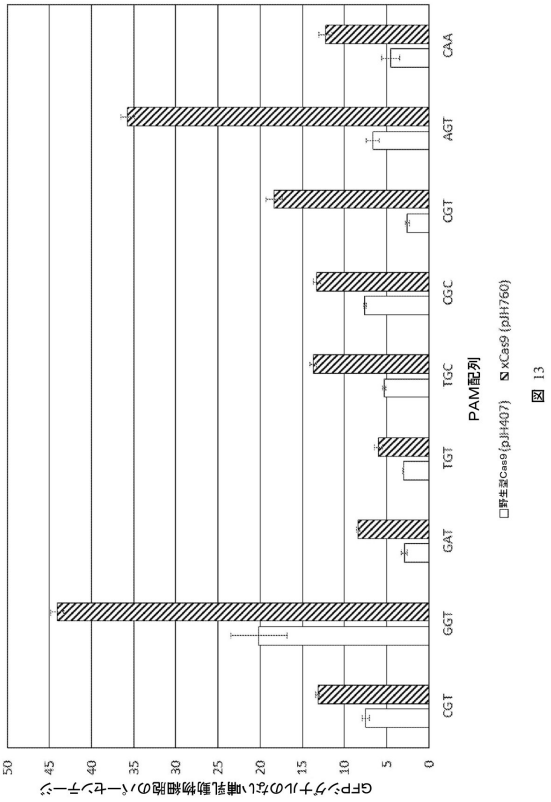


図 13

【図１４】

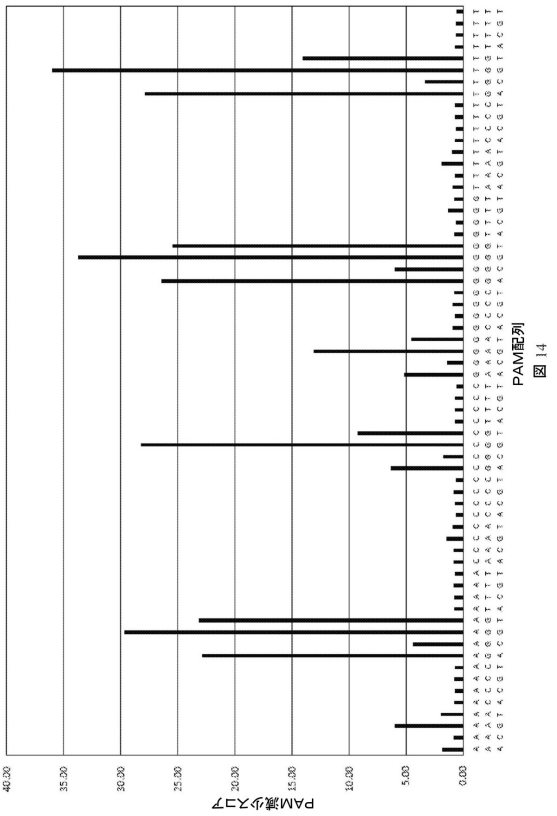


図 14

【図１５】

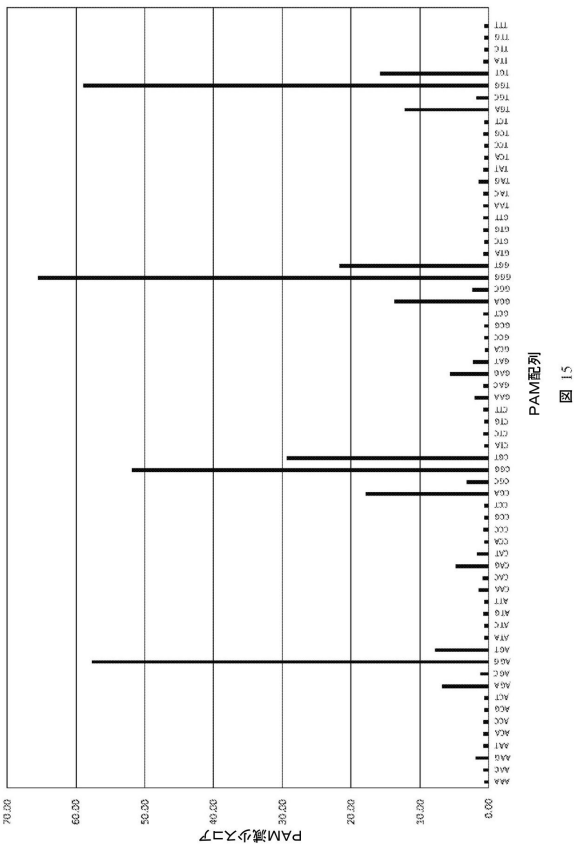


図 15

【図１６】

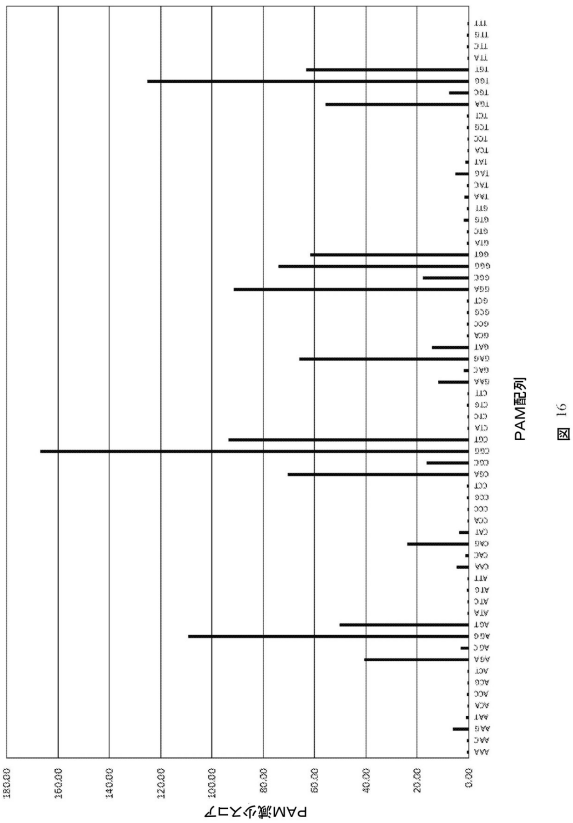


図 16

【図１７】

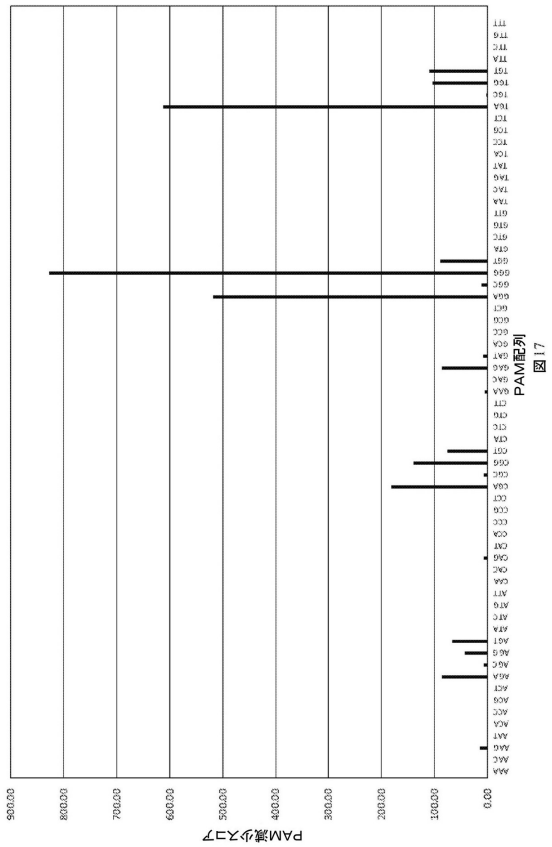


図17

【図１８】

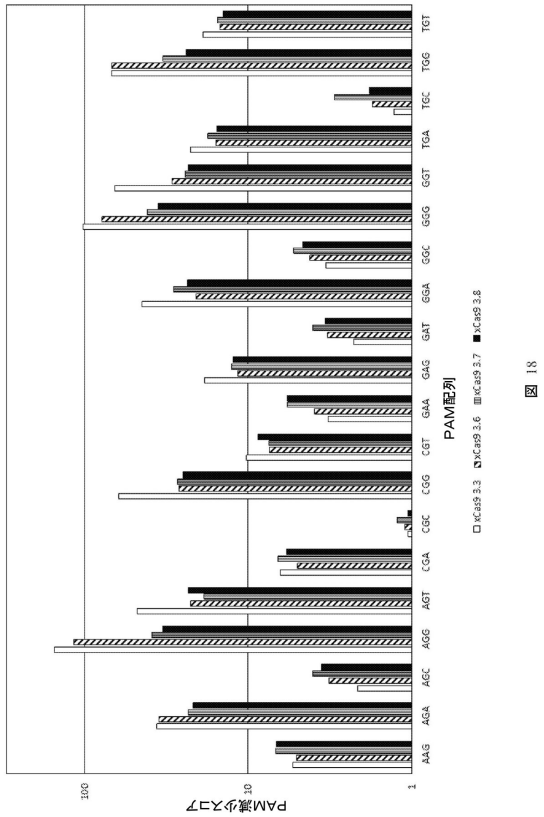


図18

【図１９】

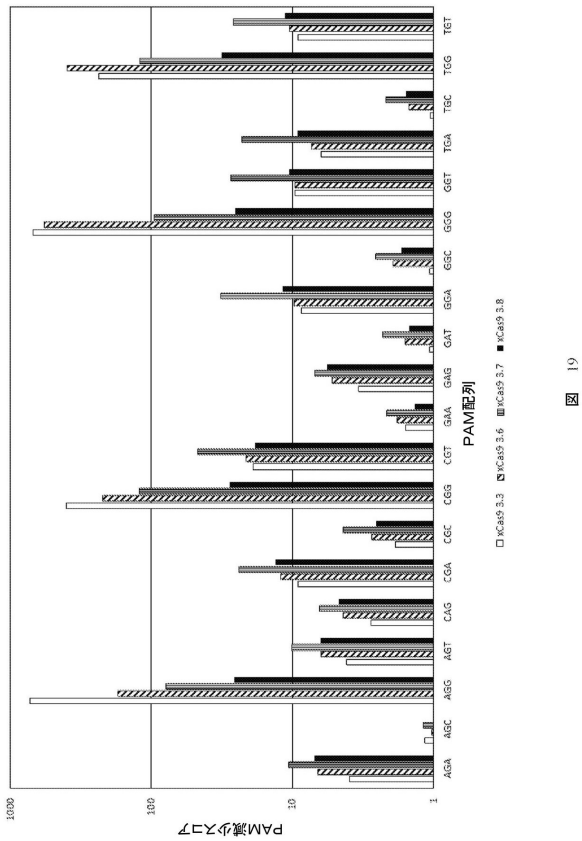


図19

【図２０】

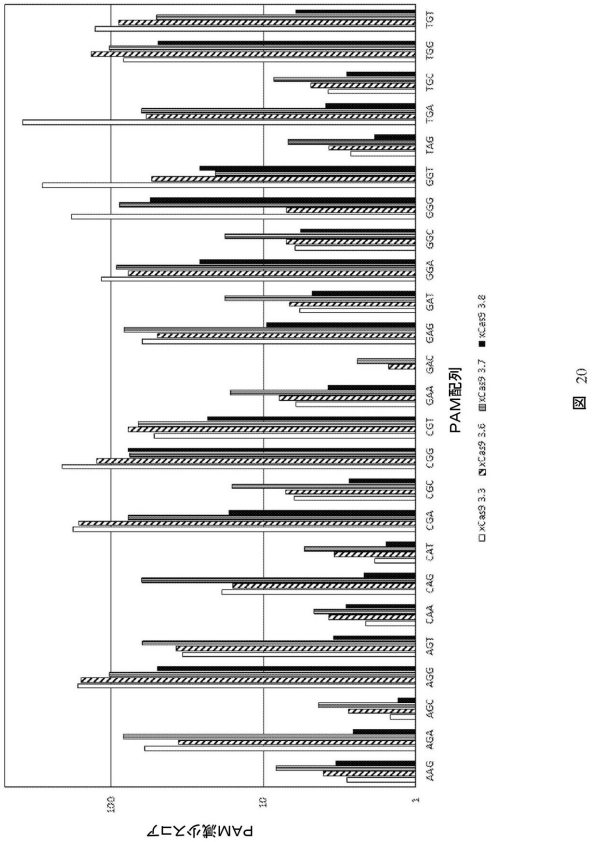


図20

【配列表】
0007109784000001.app

フロントページの続き

(51)国際特許分類			FI		
C07K	*19/00*	*(2006.01)*	C07K	19/00	
C12N	*15/62*	*(2006.01)*	C12N	15/62	Z
C07K	*14/315*	*(2006.01)*	C07K	14/315	
C12N	*15/52*	*(2006.01)*	C12N	15/52	Z
C12N	*9/10*	*(2006.01)*	C12N	9/10	
C12N	*9/00*	*(2006.01)*	C12N	9/00	
C12N	*15/11*	*(2006.01)*	C12N	9/16	A
C07K	*7/06*	*(2006.01)*	C12N	15/11	Z
C07K	*7/08*	*(2006.01)*	C07K	7/06	
C07K	*5/083*	*(2006.01)*	C07K	7/08	
A01K	*67/027*	*(2006.01)*	C07K	5/083	
C12N	*15/63*	*(2006.01)*	A01K	67/027	
C12M	*1/00*	*(2006.01)*	C12N	15/63	Z
C12N	*1/15*	*(2006.01)*	C12M	1/00	A
C12N	*1/19*	*(2006.01)*	C12N	1/15	
C12N	*1/21*	*(2006.01)*	C12N	1/19	
C12N	*5/10*	*(2006.01)*	C12N	1/21	
C12N	*9/14*	*(2006.01)*	C12N	5/10	
C07K	*14/035*	*(2006.01)*	C12N	9/14	
C07K	*14/05*	*(2006.01)*	C07K	14/035	
C07K	*14/46*	*(2006.01)*	C07K	14/05	
C12N	*15/54*	*(2006.01)*	C07K	14/46	
C12N	*15/12*	*(2006.01)*	C12N	15/54	
C12N	*15/38*	*(2006.01)*	C12N	15/12	
A61P	*35/00*	*(2006.01)*	C12N	15/38	
A61P	*13/02*	*(2006.01)*	A61P	35/00	
A61P	*17/00*	*(2006.01)*	A61P	13/02	
A61P	*25/00*	*(2006.01)*	A61P	17/00	
A61P	*13/12*	*(2006.01)*	A61P	25/00	
A61P	*25/28*	*(2006.01)*	A61P	13/12	
A61P	*9/00*	*(2006.01)*	A61P	25/28	
A61P	*29/00*	*(2006.01)*	A61P	9/00	
A61P	*31/18*	*(2006.01)*	A61P	29/00	
A61P	*19/02*	*(2006.01)*	A61P	31/18	
A61P	*21/00*	*(2006.01)*	A61P	19/02	
A61P	*21/02*	*(2006.01)*	A61P	21/00	
A61P	*43/00*	*(2006.01)*	A61P	21/02	
A61P	*7/04*	*(2006.01)*	A61P	43/00	111
A61K	*38/50*	*(2006.01)*	A61P	43/00	121
A61K	*47/65*	*(2017.01)*	A61P	7/04	
A61K	*47/54*	*(2017.01)*	A61K	38/50	
A61K	*38/45*	*(2006.01)*	A61K	47/65	
A61K	*38/43*	*(2006.01)*	A61K	47/54	
A61K	*47/26*	*(2006.01)*	A61K	38/45	
C40B	*10/00*	*(2006.01)*	A61K	38/43	
			A61K	47/26	
			C40B	10/00	

(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号 62/311,763
(32)優先日 平成28年3月22日(2016.3.22)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号 62/322,178
(32)優先日 平成28年4月13日(2016.4.13)

(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号 62/408,686
(32)優先日 平成28年10月14日(2016.10.14)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号 62/357,332
(32)優先日 平成28年6月30日(2016.6.30)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号 62/370,700
(32)優先日 平成28年8月3日(2016.8.3)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号 62/357,352
(32)優先日 平成28年6月30日(2016.6.30)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
(31)優先権主張番号 62/398,490
(32)優先日 平成28年9月22日(2016.9.22)
(33)優先権主張国・地域又は機関
米国(US)
前置審査
ストリート ６０、キャボット メール センター ５５３
審査官 山本 匡子
(56)参考文献 Nature(2015)Vol.523, p.481-485
Nature(2014)Vol.513, p.569-573
(58)調査した分野 (Int.Cl.，ＤＢ名)
Ｃ１２Ｎ １５／００－９０
Ｃ１２Ｑ １／００－３／００
ＭＥＤＬＩＮＥ／ＢＩＯＳＩＳ／ＷＰＩＤＳ／ＣＡＰＬＵＳ（ＳＴＮ）
ＪＳＴＰｌｕｓ／ＪＭＥＤＰｌｕｓ／ＪＳＴ７５８０（ＪＤｒｅａｍＩＩＩ）
ＧｅｎＢａｎｋ／ＥＭＢＬ／ＤＤＢＪ／ＧｅｎｅＳｅｑ
ＵｎｉＰｒｏｔ／ＧｅｎｅＳｅｑ